



⑮ **BUNDESREPUBLIK
DEUTSCHLAND**



**DEUTSCHES
PATENT- UND
MARKENAMT**

⑫ **Offenlegungsschrift**
⑩ **DE 198 13 835 A 1**

⑳ Aktenzeichen: 198 13 835.0
㉑ Anmeldetag: 20. 3. 98
㉒ Offenlegungstag: 23. 9. 99

㉓ Int. Cl.⁶:
C 07 K 14/435
C 12 N 15/11
C 07 H 21/04
C 12 N 15/63
C 12 N 1/21
C 12 N 1/19
C 12 N 5/10
C 07 K 16/18
A 61 K 38/17
// (C12N 1/21,C12R
1:19)G01N 33/68

DE 198 13 835 A 1

㉔ **Anmelder:**
metaGen Gesellschaft für Genomforschung mbH,
14195 Berlin, DE

㉕ **Vertreter:**
Klose, W., Dipl.-Chem.Dr.rer.nat., Pat.-Ass., 13505
Berlin

㉖ **Erfinder:**
Specht, Thomas, Dipl.-Bio.-Chem. Dr., 12209 Berlin,
DE; Hinzmann, Bernd, Dipl.-Chem. Dr., 13127 Berlin,
DE; Schmitt, Armin, Dipl.-Phys. Dr., 14197 Berlin,
DE; Pilarsky, Christian, Dipl.-Biol. Dr., 01474
Schönfeld-Weißig, DE; Dahl, Edgar, Dipl.-Biol. Dr.,
14480 Potsdam, DE; Rosenthal, André, Prof.
Dipl.-Chem. Dr., 10115 Berlin, DE

Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen

- ㉗ **Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brustnormalgewebe**
㉘ Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen
-mRNA, cDNA, genomische Sequenzen- aus Brustgewe-
be, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und
deren Verwendung geschrieben.
Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen
Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

DE 198 13 835 A 1

Beschreibung

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brustgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

5 Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Haupttodesursachen bei Frauen ist der Brustkrebs, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z. B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z. B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengen, d. h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d. h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z. T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebetyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig. 3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1-2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1 bis Seq. ID No. 76 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Brusttumor eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 1-5, 10-12, 14, 15, 19-21, 23-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50-52, 58-65, 68, 69 und 71-76.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID Nos. 1-5, 10-12, 14, 15, 19-21, 23-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50-52, 58-65, 68, 69 und 71-76.
- 45 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder
- c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos 1-5, 10-12, 14, 15, 19-21, 23-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50-52, 58-65, 68, 69 und 71-76 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76, die im Brustnormalgewebe erhöht exprimiert sind bzw. in Brusttumorgewebe vermindert exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos 1-5, 10-12, 14, 15, 19-21, 23-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50-52, 58-65, 68, 69 und 71-76 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 1-5, 10-12, 14, 15, 19-21, 23-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50-52, 58-65, 68, 69 und 71-76 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540,

pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID Nos 77-88, 90, 91, 93-95, 97-113, 115-127, 132-160.

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID Nos. 77-88, 90, 91, 93-95, 97-113, 115-127, 132-160 aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 76 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID Nos. 77-88, 90, 91, 93-95, 97-113, 115-127, 132-160 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 als Arzneimittel in der Genterapie zur Behandlung des Brustkrebses, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulatorischen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 76, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Es wurde ferner gefunden, daß bestimmte Nukleinsäure-Sequenzen auch im Fettstoffwechsel eine Rolle spielen. Die Erfindung betrifft deshalb auch die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos.: 3, 37, 45, zur Behandlung von krankhaften Veränderungen des Fettstoffwechsels.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren = Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

Contig = Eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus).

Singleton = Ein Contig, der nur eine Sequenz enthält.

Erklärung zu den Alignmentparametern

- 5 minimal initial match = minimaler anfänglicher Identitätsbereich
 maximum pads per read = maximale Anzahl von Insertionen
 maximum percent mismatch = maximale Abweichung in %

Erklärung der Abbildungen

- 10 **Fig. 1** zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
 15 **Fig. 4a** zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern
Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.
 Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

20 Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

- 25 Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Brustgewebe ESTs.

- Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (**Fig. 3**). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren).

- 40 Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

- 45 Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. **Fig. 4a** und **Fig. 4b**). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

Beispiel 2

- 55 Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. **Fig. 4b**).

60 2.1 Elektronischer Northern-Blot

- Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) J. Mol. Biol. 215, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) Nucleic Acids Research 25, 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85, 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebespezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot be-

zeichnet.

2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 39 gefunden, die 21x stärker im normalen Brustgewebe als im Tumorgewebe vorkommt. 5

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft humanes alpha-B-Crystallin.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39					10
	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0139	0.0102	1.3639	0.7332	
Brust	0.0919	0.0044	21.0995	0.0474	15
Eierstock	0.0091	0.0104	0.8765	1.1409	
Endokrines_Gewebe	0.0146	0.0027	5.3582	0.1866	
Gastrointestinal	0.0213	0.0048	4.4784	0.2233	
Gehirn	0.1941	0.1358	1.4296	0.6995	
Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000	20
Haut	0.0995	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.2405	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0324	0.0142	2.2824	0.4381	25
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0230	0.4200	2.3811	
Muskel-Skelett	0.1456	0.0180	8.0893	0.1236	
Niere	0.0327	0.1643	0.1990	5.0254	
Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857	1.4584	
Penis	0.0539	0.0000	undef	0.0000	30
Prostata	0.0238	0.0149	1.5980	0.6258	
Uterus	0.0363	0.0356	1.0212	0.9793	
Brust-Hyperplasie	0.0291				
Duennndarm	0.0156				
Prostata-Hyperplasie	0.0119				35
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
FOETUS					40
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0031				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0079				45
Herz-Blutgefuesse	0.1063				
Lunge	0.0074				
Niere	0.0062				
Prostata	0.0249				
Sinnesorgane	0.0419				50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.2925				55
Eierstock-Uterus	0.0183				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0379				
Gastrointestinal	0.0244				
Haematopoetisch	0.0000				60
Haut-Muskel	0.0874				
Hoden	0.0234				
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0462				
Prostata	0.0321				
Sinnesorgane	0.0542				65

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 41 gefunden, die 15x stärker im normalen Brustgewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

- 5 Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft humanes extrazelluläres Protein S1-5.
Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
10	Blase	0.0186	0.0026	7.2739	0.1375
	Brust	0.0666	0.0044	15.2895	0.0654
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
15	Endokrines_Gewebe	0.0347	0.0436	0.7954	1.2573
	Gastrointestinal	0.0078	0.0095	0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0288	0.0077	3.7599	0.2660
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0497	0.0000	undef	0.0000
20	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0498	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0095	1.3168	0.7594
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Muskel-Skelett	0.0086	0.0420	0.2039	4.9036
	Niere	0.0178	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0799			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
35	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0070			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
40	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0031
	Gehirn	0.0313
	Haematopoetisch	0.0039
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0074
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0272
	Eierstock-Uterus	0.0068
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0099
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0156
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0120
	Prostata	0.0000
65	Sinnesorgane	0.0000

DE 198 13 835 A 1

2.1.3

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 42 gefunden, die 12x stärker im normalen Brustgewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft sezerniertes "frizzled-related protein".

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse		
			N/T	T/N	
Blase	0.0511	0.0026	20.00330	0.0500	10
Brust	0.0533	0.0044	12.23160	0.0818	
Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895	2.5671	
Endokrines Gewebe	0.0128	0.0027	4.6885	0.2133	15
Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0059	0.0099	0.6021	1.6609	
Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0149	0.0065	2.2954	0.4356	20
Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144	
Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0120	0.0240	0.4996	2.0015	25
Niere	0.0535	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0048	0.0085	0.5593	1.7879	
Uterus	0.0231	0.0000	undef	0.0000	30
Brust-Hyperplasie	0.1126				
Duennndarm	0.0156				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0000				35
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0615				40
Gastrointestinal	0.0031				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0573				
Lunge	0.0037				45
Niere	0.0000				
Prostata	0.0249				
Sinnesorgane	0.0279				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0340				
Eierstock-Uterus	0.0205				
Endokrines Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0117				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0194				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				60
Nerven	0.0161				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0139	0.0179	0.7793	1.2831
	Brust	0.0160	0.0022	7.3390	0.1363
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843	1.7114
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0109	0.3349	2.9861
	Gastrointestinal	0.0039	0.0238	0.1629	6.1405
	Gehirn	0.0102	0.0088	1.1612	0.8612
10	Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9744
	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
15	Lunge	0.0037	0.0071	0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0120	0.8565	1.1675
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
20	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0048	0.0128	0.3729	2.6818
	Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
	Duenndarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			

30		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0154
35	Gehirn	0.0313
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0041
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0371
40	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0068
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
50	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0078
	Lunge	0.0000
55	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0128
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000 undef	5
Brust	0.0080	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000 undef	
Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0000	undef 0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	0.0143	0.0000 undef	
Gehirn	0.0093	0.0044	2.1288 0.4698	10
Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0099	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef	
Herz	0.0032	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef	15
Lunge	0.0037	0.0024	1.5801 0.6329	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef 0.0000	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0030	0.0068	0.4342 2.3033	
Pankreas	0.0019	0.0000	undef 0.0000	20
Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0071	0.0064	1.1186 0.8939	
Uterus	0.0050	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0093			25
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			30
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0031			35
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0079			
Herz-Blutgefuesse	0.0000			
Lunge	0.0037			
Niere	0.0000			
Prostata	0.0000			40
Sinnesorgane	0.0140			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			45
Brust	0.0000			
Eierstock-Uterus	0.0205			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0052			
Gastrointestinal	0.0122			50
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0065			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0050			55
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
				60
				65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.1066	0.0065	16.308	0.0613
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0448	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0400			
	Duennndarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

30		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
35	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
40	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0136
	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
50	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
55	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0133	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0054	0.3349	2.9861	
Gastrointestinal	0.0078	0.0048	1.6285	0.6141	
Gehirn	0.0034	0.0022	1.5482	0.6459	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0025	0.0024	1.0534	0.9493	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef	
Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0024	0.0021	1.1186	0.8939	
Uterus	0.0033	0.0214	0.1547	6.4632	
Brust-Hyperplasie	0.0073				
Duenndarm	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				25
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0154	
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	35
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Niere	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	45
Eierstock-Uterus	0.0160	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0017	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	50
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0020	55
Prostata	0.0064	
Sinnesorgane	0.0155	

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0790	0.0435	1.8185	0.5499
	Brust	0.0187	0.0022	8.5621	0.1168
	Eierstock	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0329	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0085	0.0033	2.5804	0.3875
10	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0212	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
15	Lunge	0.0025	0.0071	0.3511	2.8478
	Magen-Speiserohre	0.1159	0.0383	3.0238	0.3307
	Muskel-Skelett	0.0240	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
20	Penis	0.0898	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0262	0.0192	1.3672	0.7314
	Uterus	0.0099	0.0427	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0291			
	Duennndarm	0.0530			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0445			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0092	
35	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0041	
	Lunge	0.0000	
	Niere	0.0000	
40	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
45	Brust	0.0000	
	Eierstock-Uterus	0.0160	
	Endokrines Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0017	
50	Gastrointestinal	0.0122	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
55	Nerven	0.0020	
	Prostata	0.0064	
	Sinnesorgane	0.0000	

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0107	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef	10
Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0025	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	20
Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef	35
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Duenndarm	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				40
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				45

FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			35
Haematopoetisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Niere	0.0000			
Prostata	0.0000			40
Sinnesorgane	0.0000			

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0476			45
Eierstock-Uterus	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0245			
Foetal	0.0012			
Gastrointestinal	0.0000			50
Haematopoetisch	0.0057			
Haut-Muskel	0.0065			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0080			55
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0054	1.3396	0.7465
	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn	0.0144	0.0110	1.3160	0.7599
10	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
15	Lunge	0.0025	0.0095	0.2634	3.7971
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
20	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0149	0.3196	3.1288
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0093			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			

30		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0123
35	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0124
40	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0091
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0029
50	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0080
55	Prostata	0.0128
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0093	0.0022	4.2811	0.2336	
Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000	
Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0073				
Duenndarm	0.0000				25
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				30
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				35
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Niere	0.0000				
Prostata	0.0000				40
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				45
Brust	0.0000				
Eierstock-Uterus	0.0023				
Endokrines_Gewebe	0.0245				
Foetal	0.0035				
Gastrointestinal	0.0000				50
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0032				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0030				55
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0232				
					60
					65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0080	0.0022	3.6695	0.2725
	Eierstock	0.0091	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0128	0.0054	2.3442	0.4266
	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn	0.0042	0.0022	1.9353	0.5167
10	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0012	0.0024	0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565	1.1675
	Niere	0.0030	0.0137	0.2171	4.6066
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
20	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0083	0.0356	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenn darm	0.0125			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0154
	Gastrointestinal	0.0092
35	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0079
	Herz-Blutgefuesse	0.0164
	Lunge	0.0074
	Niere	0.0185
40	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0046
	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0128
50	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
55	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0064
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998	5
Brust	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396	0.7465	10
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0017	0.0022	0.7741	1.2918	
Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000	15
Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0012	0.0024	0.5267	1.8986	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000	20
Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0095	0.0043	2.2373	0.4470	
Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088	25
Brust-Hyperplasie	0.0073				
Duenndarm	0.0062				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

FOETUS

%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0154	
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	35
Haematopoetisch	0.0079	
Herz-Blutgefuesse	0.0041	
Lunge	0.0074	
Niere	0.0062	
Prostata	0.0000	40
Sinnesorgane	0.0000	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

Brust	0.0000	45
Eierstock-Uterus	0.0046	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0140	
Gastrointestinal	0.0000	50
Haematopoetisch	0.0285	
Haut-Muskel	0.0291	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0060	55
Prostata	0.0064	
Sinnesorgane	0.0000	

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0187	0.0022	8.5621	0.1168
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0076	0.0011	6.9669	0.1435
10	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0137	0.3854	2.5949
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0025	0.0071	0.3511	2.8478
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

30		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
35	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefäesse	0.0000
	Lunge	0.0074
	Niere	0.0185
40	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0140

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0068
	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
50	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
55	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0093	0.0051	1.8185	0.5499	5
Brust	0.0160	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0091	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0017	0.0011	1.5482	0.6459	10
Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710	1.7513	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000	
Uterus	0.0099	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Duendarm	0.0000				25
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				35
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0074				
Niere	0.0000				
Prostata	0.0000				40
Sinnesorgane	0.0558				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				45
Brust	0.0000				
Eierstock-Uterus	0.0023				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0064				
Gastrointestinal	0.0000				50
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0032				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0010				55
Prostata	0.0064				
Sinnesorgane	0.0000				
					60
					65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0232	0.0026	9.0924	0.1100
	Brust	0.0306	0.0044	7.0332	0.1422
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0252	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0017	0.0011	1.5482	0.6459
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
15	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0274	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0120	0.0267	0.4492	2.2260
	Prostata	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0132	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0291			
25	Duennndarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

30		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0123
35	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Herz-Blutgefasse	0.0041
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0062
40	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0204
	Eierstock-Uterus	0.0068
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
50	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
55	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0093	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000	undef	10
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0017	0.0011	1.5482	0.6459	
Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000	15
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0074	0.0275	0.2698	3.7070	20
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0048	0.0000	undef	0.0000	
Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000	35
Brust-Hyperplasie	0.0073				
Duenndarm	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				40
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				45
					50
					55
					60
					65

FOETUS

%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	35
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0041	40
Lunge	0.0037	
Niere	0.0000	
Prostata	0.0000	45
Sinnesorgane	0.0000	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

Brust	0.0000	45
Eierstock-Uterus	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0140	50
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0065	55
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	60
Prostata	0.0064	
Sinnesorgane	0.0000	

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

30		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
35	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
40	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0340
	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
50	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
55	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0227	0.0044	5.1984	0.1924	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gastrointestinal	0.0019	0.0095	0.2036	4.9124	
Gehirn	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000	15
Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000	20
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef	25
Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025	
Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef	35
Brust-Hyperplasie	0.0036				
Duennndarm	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				40
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				45
					50
					55
					60
					65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0133	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0058	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0000	0.0033	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0024	0.0064	0.3729	2.6818
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
25	Duendarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

30		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
35	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
40	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0068
	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
50	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
55	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0046	0.0026	1.8185 0.5499	5
Brust	0.0133	0.0022	6.1158 0.1635	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef	
Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396 0.7465	
Gastrointestinal	0.0097	0.0000	undef 0.0000	
Gehirn	0.0008	0.0033	0.2580 3.8754	10
Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	15
Lunge	0.0037	0.0000	undef 0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1420 0.8756	
Niere	0.0149	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0038	0.0000	undef 0.0000	20
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0024	0.0000	undef 0.0000	
Uterus	0.0033	0.0071	0.4642 2.1544	
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0000			25
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0031			35
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Herz-Blutgefasse	0.0041			
Lunge	0.0037			
Niere	0.0062			40
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			45
Brust	0.0136			
Eierstock-Uterus	0.0046			
Endokrines_Gewebe	0.0490			
Foetal	0.0198			
Gastrointestinal	0.0000			50
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0020			55
Prostata	0.0192			
Sinnesorgane	0.0000			
				60
				65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0139	0.0153	0.9092	1.0998
	Brust	0.0173	0.0022	7.9505	0.1258
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0085	0.0142	0.5955	1.6794
10	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0298	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
15	Lunge	0.0037	0.0071	0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0178	0.0068	2.6050	0.3839
	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
20	Penis	0.0000	0.0533	0.0000	undef
	Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0327			
	Duennndarm	0.0062			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0244			

30		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
35	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0074
	Niere	0.0062
40	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0279

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0023
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
50	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
55	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0651	0.0204	3.1823	0.3142	5
Brust	0.0400	0.0065	6.1158	0.1635	
Eierstock	0.0213	0.0026	8.1803	0.1222	
Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0163	0.6698	1.4930	10
Gastrointestinal	0.0271	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0119	0.0066	1.8062	0.5536	
Haematopoetisch	0.0196	0.0000	undef	0.0000	15
Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651	1.3069	
Herz	0.0286	0.0000	undef	0.0000	20
Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0174	0.0047	3.6870	0.2712	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5198	0.3968	25
Muskel-Skelett	0.0206	0.0120	1.7130	0.5838	
Niere	0.0089	0.0068	1.3025	0.7678	
Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000	30
Penis	0.0599	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0214	0.0362	0.5922	1.6886	
Uterus	0.0430	0.0000	undef	0.0000	35
Brust-Hyperplasie	0.0254				
Duenndarm	0.0343				
Prostata-Hyperplasie	0.0297				40
Samenblase	0.0356				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				45
					50
					55
					60
					65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL	TUMOR		Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0187	0.0022	8.5621	0.1168
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
25	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
40	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
50	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
55	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0064
60	Sinnesorgane	0.0000

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0102	0.9092	1.0998
	Brust	0.0267	0.0087	3.0579	0.3270
	Eierstock	0.0091	0.0156	0.5843	1.7114
	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0082	1.5628	0.6399
	Gastrointestinal	0.0174	0.0095	1.8321	0.5458
	Gehirn	0.0127	0.0153	0.8294	1.2057
10	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0149	0.0194	0.7651	1.3069
	Herz	0.0085	0.0137	0.6166	1.6218
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
15	Lunge	0.0212	0.0189	1.1193	0.8934
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0240	0.0120	1.9985	0.5004
	Niere	0.0119	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0114	0.0166	0.6857	1.4584
20	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9680
	Prostata	0.0191	0.0298	0.6392	1.5644
	Uterus	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
	Duennndarm	0.0093			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0247
35	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0074
	Niere	0.0062
40	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0068
	Eierstock-Uterus	0.0160
	Endokrines_Gewebe	0.0490
	Foetal	0.0245
50	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0227
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0211
55	Prostata	0.0256
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0179	0.0000 undef	5
Brust	0.0466	0.0131	3.5675 0.2803	
Eierstock	0.0304	0.0130	2.3372 0.4279	
Endokrines Gewebe	0.0237	0.0300	0.7916 1.2633	
Gastrointestinal	0.0136	0.0238	0.5700 1.7544	
Gehirn	0.0424	0.0263	1.6127 0.6201	10
Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0348	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0198	0.0065	3.0606 0.3267	
Herz	0.0265	0.0687	0.3854 2.5949	
Hoden	0.0244	0.0000	undef 0.0000	15
Lunge	0.0336	0.0236	1.4221 0.7032	
Magen-Speiserohre	0.0483	0.0307	1.5749 0.6350	
Muskel-Skelett	0.0154	0.0240	0.6424 1.5567	
Niere	0.0119	0.0274	0.4342 2.3033	
Pankreas	0.0133	0.0166	0.8000 1.2501	20
Penis	0.0359	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0095	0.0170	0.5593 1.7879	
Uterus	0.0132	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0291			
Duenndarm	0.0187			25
Prostata-Hyperplasie	0.0149			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			30
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0154			
Gastrointestenstinal	0.0277			35
Gehirn	0.0188			
Haematopoetisch	0.0236			
Herz-Blutgefuesse	0.0368			
Lunge	0.0407			
Niere	0.0309			
Prostata	0.0249			40
Sinnesorgane	0.0279			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			45
Brust	0.0136			
Eierstock-Uterus	0.0228			
Endokrines Gewebe	0.0245			
Foetal	0.0280			
Gastrointestinal	0.0122			50
Haematopoetisch	0.0171			
Haut-Muskel	0.0648			
Hoden	0.0156			
Lunge	0.0246			
Nerven	0.0221			55
Prostata	0.0192			
Sinnesorgane	0.1393			
				60
				65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0026	3.6370	0.2750
	Brust	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0036	0.0082	0.4465	2.2395
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0120	0.0000	undef
10	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5198	0.3968
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
20	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0085	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenndarm	0.0062			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

30		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0092
35	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Herz-Blutgefasse	0.0041
	Lunge	0.0037
	Niere	0.0000
40	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0136
	Eierstock-Uterus	0.0114
	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0087
50	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0156
	Lunge	0.0000
55	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0128
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0093	0.0026	3.6370 0.2750	5
Brust	0.0293	0.0087	3.3637 0.2973	
Eierstock	0.0091	0.0156	0.5843 1.7114	
Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0054	1.6745 0.5972	
Gastrointestinal	0.0155	0.0190	0.8143 1.2281	
Gehirn	0.0008	0.0077	0.1106 9.0427	10
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Haut	0.0249	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0050	0.0194	0.2550 3.9208	
Herz	0.0053	0.0550	0.0963 10.3795	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	15
Lunge	0.0075	0.0071	1.0534 0.9493	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0188	0.0060	3.1406 0.3184	
Niere	0.0119	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0095	0.0276	0.3428 2.9168	20
Penis	0.0120	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0119	0.0128	0.9322 1.0727	
Uterus	0.0116	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0145			
Duenn darm	0.0093			25
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0470			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			30
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0154			
Gastrointestinal	0.0092			35
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0079			
Herz-Blutgefuesse	0.0164			
Lunge	0.0000			
Niere	0.0062			
Prostata	0.0249			40
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			45
Brust	0.0068			
Eierstock-Uterus	0.0183			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0105			
Gastrointestinal	0.0000			50
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0194			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0020			55
Prostata	0.0192			
Sinnesorgane	0.0000			
				60
				65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0139	0.0077	1.8185	0.5499
	Brust	0.0227	0.0044	5.1984	0.1924
	Eierstock	0.0030	0.0156	0.1948	5.1343
	Endokrines Gewebe	0.0109	0.0054	2.0093	0.4977
	Gastrointestinal	0.0136	0.0143	0.9500	1.0527
	Gehirn	0.0059	0.0033	1.8062	0.5536
10	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0064	0.0137	0.4624	2.1624
	Hoden	0.0366	0.0000	undef	0.0000
15	Lunge	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857	1.4584
20	Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0106	0.2237	4.4697
	Uterus	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duennndarm	0.0218			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			

30		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0123
35	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0041
	Lunge	0.0037
	Niere	0.0000
40	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0272
	Eierstock-Uterus	0.0046
	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0070
50	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0285
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0156
	Lunge	0.0164
55	Nerven	0.0100
	Prostata	0.0256
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0093	0.0128	0.7274 1.3748	5
Brust	0.0200	0.0044	4.5868 0.2180	
Eierstock	0.0091	0.0078	1.1686 0.8557	
Endokrines Gewebe	0.0018	0.0191	0.0957 10.4512	
Gastrointestinal	0.0116	0.0000	undef 0.0000	
Gehirn	0.0110	0.0197	0.5591 1.7887	10
Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0099	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0021	0.0137	0.1541 6.4872	
Hoden	0.0061	0.0117	0.5224 1.9144	15
Lunge	0.0075	0.0118	0.6321 1.5821	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef 0.0000	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0240	0.0714 14.0102	
Niere	0.0149	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428 2.9168	20
Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0238	0.0192	1.2429 0.8046	
Uterus	0.0116	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duennndarm	0.0125			25
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			30
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0092			35
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0157			
Herz-Blutgefuesse	0.0000			
Lunge	0.0074			
Niere	0.0062			
Prostata	0.0000			40
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			45
Brust	0.0136			
Eierstock-Uterus	0.0068			
Endokrines Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0192			
Gastrointestinal	0.0000			50
Haematopoetisch	0.0114			
Haut-Muskel	0.0097			
Hoden	0.0234			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0131			55
Prostata	0.0064			
Sinnesorgane	0.0000			
				60
				65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0147	0.0022	6.7274	0.1486
	Eierstock	0.0091	0.0052	1.7529	0.5705
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
10	Gehirn	0.0008	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0154	
	Gastrointestinal	0.0000	
35	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Niere	0.0062	
40	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0279	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
45		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000	
	Eierstock-Uterus	0.0000	
	Endokrines Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0041	
50	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
55	Nerven	0.0020	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0227	0.0022	10.3969	0.0962	
Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef	35
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Duenndarm	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				40
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				45
					50
					55
					60
					65

FOETUS

%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	35
Haematopoetisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Niere	0.0000	
Prostata	0.0000	40
Sinnesorgane	0.0000	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

Brust	0.0136	45
Eierstock-Uterus	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0017	
Gastrointestinal	0.0000	50
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0000	55
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0325	0.0077	4.2431	0.2357
	Brust	0.0386	0.0065	5.9119	0.1691
	Eierstock	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396	0.7465
	Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0110	0.0033	3.3545	0.2981
10	Haematopoetisch	0.0140	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0099	0.0065	1.5303	0.6535
	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
15	Lunge	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0230	0.8399	1.1905
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0019	0.0110	0.1714	5.8337
20	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0071	0.0021	3.3559	0.2980
	Uterus	0.0165	0.0071	2.3208	0.4309
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenn darm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

30		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0062
35	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
	Herz-Blutgefuesse	0.0041
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
40	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0544
	Eierstock-Uterus	0.0114
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
50	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0060
55	Prostata	0.0128
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0046	0.0077	0.6062	1.6497	5
Brust	0.1053	0.0131	8.0525	0.1242	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187	
Gehirn	0.0059	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0099	0.0000	undef	0.0000	15
Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0223	0.0240	0.9279	1.0777	20
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0024	0.0043	0.5593	1.7879	
Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0618				
Duennndarm	0.0093				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

FOETUS

%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0000
Gastrointestinal	0.0062
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefuesse	0.0000
Lunge	0.0000
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

Brust	0.1632
Eierstock-Uterus	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0490
Foetal	0.0000
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0227	0.0044	5.1984	0.1924
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0000	0.0099	0.0000	undef
10	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0037	0.0047	0.7901	1.2657
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5696	0.3892
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0191	0.0043	4.4745	0.2235
	Uterus	0.0017	0.0427	0.0387	25.8527
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0125			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0119			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

30		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0031
35	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0183
	Niere	0.0000
40	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0069
	Eierstock-Uterus	0.0066
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
50	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0020
55	Prostata	0.0129
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0325	0.0051	6.3647	0.1571	5
Brust	0.0267	0.0065	4.0772	0.2453	
Eierstock	0.0030	0.0026	1.1686	0.8557	
Endokrines Gewebe	0.0146	0.0000	undef	0.0000	10
Gastrointestinal	0.0039	0.0095	0.4071	2.4562	
Gehirn	0.0068	0.0307	0.2212	4.5213	
Haematopoetisch	0.0028	0.0378	0.0739	13.5274	
Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0198	0.0129	1.5303	0.6535	15
Herz	0.1303	0.3299	0.3950	2.5316	
Hoden	0.0183	0.0351	0.5224	1.9144	
Lunge	0.0174	0.0118	1.4748	0.6781	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0460	0.2100	4.7622	
Muskel-Skelett	0.0188	0.0300	0.6281	1.5921	20
Niere	0.0119	0.0479	0.2481	4.0308	
Pankreas	0.0057	0.0055	1.0285	0.9723	
Penis	0.0180	0.0267	0.6739	1.4840	
Prostata	0.0143	0.0021	6.7118	0.1490	
Uterus	0.0149	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0327				
Duennndarm	0.0093				
Prostata-Hyperplasie	0.0208				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.1058				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
					35
					40
					45
					50
					55
					60
					65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0253	0.0044	5.8100	0.1721
	Eierstock	0.0152	0.0338	0.4495	2.2249
	Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0054	2.0093	0.4977
	Gastrointestinal	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0136	0.0044	3.0964	0.3230
10	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0062	0.0024	2.6336	0.3797
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
	Pankreas	0.0019	0.0110	0.1714	5.8337
20	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0064	1.4915	0.6705
	Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenn darm	0.0093			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0096			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0123			
35	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefuesse	0.0082			
	Lunge	0.0111			
	Niere	0.0124			
	Prostata	0.0000			
40	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
45	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0122			
50	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0227			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0064			
55	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0128	0.0000 undef	5
Brust	0.0173	0.0044	3.9753 0.2516	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000 undef	
Endokrines Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698 1.4930	
Gastrointestinal	0.0019	0.0143	0.1357 7.3686	
Gehirn	0.0017	0.0066	0.2580 3.8754	10
Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0099	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0099	0.0065	1.5303 0.6535	
Herz	0.0032	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0061	0.0117	0.5224 1.9144	15
Lunge	0.0062	0.0118	0.5267 1.8986	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0240	0.0714 14.0102	
Niere	0.0119	0.0068	1.7366 0.5758	
Pankreas	0.0038	0.0000	undef 0.0000	20
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0024	0.0085	0.2797 3.5758	
Uterus	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0073			
Duenn darm	0.0093			25
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			30
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0000			35
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Niere	0.0000			
Prostata	0.0000			40
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			45
Brust	0.0068			
Eierstock-Uterus	0.0068			
Endokrines Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0035			
Gastrointestinal	0.0000			50
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0065			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0070			55
Prostata	0.0064			
Sinnesorgane	0.0000			
				60
				65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0200	0.0022	9.1737	0.1090
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
10	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857	1.4584
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0254			
25	Duenndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
30	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0031
35	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
40	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
50	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
55	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0064
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0046	0.0281	0.1653 6.0490	5
Brust	0.0120	0.0022	5.5042 0.1817	
Eierstock	0.0030	0.0104	0.2922 3.4228	
Endokrines_Gewebe	0.0146	0.0245	0.5954 1.6797	
Gastrointestinal	0.0116	0.0000	undef 0.0000	
Gehirn	0.0432	0.0142	3.0369 0.3293	10
Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0050	0.0847	0.0587 17.0262	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000 undef	
Herz	0.0159	0.0137	1.1561 0.8650	
Hoden	0.0061	0.0117	0.5224 1.9144	15
Lunge	0.0037	0.0165	0.2257 4.4300	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef 0.0000	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0180	0.3807 2.6269	
Niere	0.0178	0.0068	2.6050 0.3839	
Pankreas	0.0057	0.0055	1.0285 0.9723	20
Penis	0.0090	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0119	0.0064	1.8644 0.5364	
Uterus	0.0066	0.0214	0.3094 3.2316	
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0156			25
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			30

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0615	
Gastrointestinal	0.0062	35
Gehirn	0.0250	
Haematopoetisch	0.0039	
Herz-Blutgefuesse	0.0164	
Lunge	0.0074	
Niere	0.0000	
Prostata	0.0000	40
Sinnesorgane	0.0140	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0136	45
Eierstock-Uterus	0.0320	
Endokrines_Gewebe	0.0245	
Foetal	0.0058	
Gastrointestinal	0.0000	50
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0389	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0164	
Nerven	0.0261	55
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0310	

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0133	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0021	1.1186	0.8939
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duenndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
35	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Niere	0.0124	
40	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
45	Brust	0.0068	
	Eierstock-Uterus	0.0023	
	Endokrines Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0006	
50	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
55	Nerven	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0186	0.0077	2.4246	0.4124	5
Brust	0.0133	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396	0.7465	10
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0017	0.0033	0.5161	1.9377	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0149	0.0000	undef	0.0000	15
Herz	0.1494	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0162	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0394	0.0000	undef	0.0000	20
Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0024	0.0106	0.2237	4.4697	
Uterus	0.0116	0.0142	0.8123	1.2311	25
Brust-Hyperplasie	0.0036				
Duenn darm	0.0093				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0031	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	40
Herz-Blutgefasse	0.1472	
Lunge	0.0000	
Niere	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0408	45
Eierstock-Uterus	0.0274	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0012	50
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0130	
Hoden	0.0234	
Lunge	0.0000	55
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
		60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0186	0.0077	2.4246	0.4124
	Brust	0.0293	0.0087	3.3637	0.2973
	Eierstock	0.0091	0.0234	0.3895	2.5671
	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0327	0.2791	3.5833
	Gastrointestinal	0.0116	0.0143	0.8143	1.2281
10	Gehirn	0.0110	0.0110	1.0063	0.9937
	Haematopoetisch	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0149	0.0065	2.2954	0.4356
	Herz	0.0392	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
	Lunge	0.0224	0.0071	3.1603	0.3164
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0230	0.4200	2.3811
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0300	0.6281	1.5921
	Niere	0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
20	Pankreas	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0150	0.0267	0.5615	1.7808
	Prostata	0.0238	0.0128	1.8644	0.5364
	Uterus	0.0198	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0182			
25	Duenndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0252			
30	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0154			
35	Gastrointestinal	0.0092			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Herz-Blutgefuesse	0.0245			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
40	Prostata	0.0997			
	Sinnesorgane	0.0279			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0297			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0251			
50	Gastrointestinal	0.0732			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0615			
	Hoden	0.0234			
	Lunge	0.0164			
55	Nerven	0.0171			
	Prostata	0.0192			
	Sinnesorgane	0.0232			
60					
65					

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0051	0.0000 undef	5
Brust	0.0080	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0091	0.0000	undef 0.0000	
Endokrines Gewebe	0.0000	0.0109	0.0000 undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef	
Gehirn	0.0008	0.0033	0.2580 3.8754	10
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	15
Lunge	0.0075	0.0000	undef 0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0386	0.0000	undef 0.0000	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428 7.0051	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	
Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428 2.9168	20
Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0024	0.0043	0.5593 1.7879	
Uterus	0.0033	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duennndarm	0.0000			25
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	
Gastrointestinal	0.0062	35
Gehirn	0.0063	
Haematopoetisch	0.0079	
Herz-Blutgefasse	0.0000	
Lunge	0.0074	
Niere	0.0124	
Prostata	0.0000	40
Sinnesorgane	0.0140	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0204	45
Eierstock-Uterus	0.0091	
Endokrines Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0227	
Gastrointestinal	0.0000	50
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0097	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0030	55
Prostata	0.0128	
Sinnesorgane	0.0000	

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0077	1.2123	0.8249
	Brust	0.0133	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0097	0.0095	1.0178	0.9825
10	Gehirn	0.0025	0.0099	0.2580	3.8754
	Haematopoetisch	0.0084	0.0378	0.2218	4.5091
	Haut	0.0099	0.0847	0.1175	8.5131
	Hepatisch	0.0099	0.0065	1.5303	0.6535
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0100	0.0095	1.0534	0.9493
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0343	0.0060	5.7101	0.1751
	Niere	0.0000	0.0137	0.0000	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0071	0.0043	1.6779	0.5960
	Uterus	0.0033	0.0071	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duenndarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0209			

30		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
35	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0062
40	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0160
	Endokrines_Gewebe	0.0735
	Foetal	0.0140
50	Gastrointestinal	0.0366
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
55	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0128
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0046	0.0026	1.8185 0.5499	5
Brust	0.0133	0.0022	6.1158 0.1635	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef	
Endokrines Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396 0.7465	
Gastrointestinal	0.0097	0.0000	undef 0.0000	
Gehirn	0.0008	0.0033	0.2580 3.8754	10
Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	15
Lunge	0.0037	0.0000	undef 0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1420 0.8756	
Niere	0.0149	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0038	0.0000	undef 0.0000	20
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0024	0.0000	undef 0.0000	
Uterus	0.0033	0.0071	0.4642 2.1544	
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duennndarm	0.0000			25
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0031			35
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0041			
Lunge	0.0037			
Niere	0.0062			40
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			45
Brust	0.0136			
Eierstock-Uterus	0.0046			
Endokrines_Gewebe	0.0490			
Foetal	0.0198			
Gastrointestinal	0.0000			50
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0020			55
Prostata	0.0192			
Sinnesorgane	0.0000			
				60
				65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0213	0.0044	4.8926	0.2044
	Eierstock	0.0091	0.0182	0.5008	1.9967
	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0191	0.4784	2.0902
	Gastrointestinal	0.0019	0.0190	0.1018	9.8248
10	Gehirn	0.0034	0.0066	0.5161	1.9377
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0075	0.0095	0.7901	1.2657
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0059	0.0137	0.4342	2.3033
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0150	0.1066	0.1404	7.1232
	Prostata	0.0119	0.0064	1.8644	0.5364
	Uterus	0.0182	0.0071	2.5529	0.3917
	Brust-Hyperplasie	0.0254			
25	Duenndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

30		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0031
35	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Herz-Blutgefuesse	0.0204
	Lunge	0.0370
	Niere	0.0000
40	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0279

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0136
	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0087
50	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0130
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
55	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0128
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0093	0.0077	1.2123	0.8249	5
Brust	0.0200	0.0044	4.5868	0.2180	
Eierstock	0.0152	0.0104	1.4608	0.6846	
Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0054	1.6745	0.5972	10
Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281	
Gehirn	0.0110	0.0033	3.3545	0.2981	
Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000	15
Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0198	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000	20
Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0062	0.0071	0.8779	1.1391	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000	25
Muskel-Skelett	0.0051	0.0240	0.2141	4.6701	
Niere	0.0178	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0019	0.0110	0.1714	5.8337	30
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0119	0.0043	2.7966	0.3576	
Uterus	0.0050	0.0214	0.2321	4.3088	35
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Duenndarm	0.0062				
Prostata-Hyperplasie	0.0208				40
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0540				45
					50
					55
					60
					65

FOETUS

%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0000	
Gastrointestinal	0.0123	35
Gehirn	0.0250	
Haematopoetisch	0.0275	
Herz-Blutgefuesse	0.0082	40
Lunge	0.0037	
Niere	0.0185	
Prostata	0.0000	45
Sinnesorgane	0.0558	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

Brust	0.0136	45
Eierstock-Uterus	0.0046	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0023	50
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0130	55
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0040	60
Prostata	0.0064	
Sinnesorgane	0.0310	

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0325	0.0102	3.1823	0.3142
	Brust	0.0573	0.0109	5.2596	0.1901
	Eierstock	0.0334	0.0078	4.2849	0.2334
	Endokrines Gewebe	0.0347	0.0218	1.5907	0.6286
	Gastrointestinal	0.0465	0.0238	1.9542	0.5117
10	Gehirn	0.0263	0.0361	0.7272	1.3752
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0497	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.1139	0.0647	1.7598	0.5682
	Herz	0.0424	0.0550	0.7707	1.2974
	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
15	Lunge	0.0473	0.0236	2.0015	0.4996
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0383	0.7560	1.3228
	Muskel-Skelett	0.0206	0.0060	3.4261	0.2919
	Niere	0.0654	0.0274	2.3879	0.4188
20	Pankreas	0.0133	0.0276	0.4800	2.0835
	Penis	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0238	0.0149	1.5980	0.6258
	Uterus	0.0198	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0254			
25	Duennndarm	0.0343			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0801			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			

30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0307	
	Gastrointestinal	0.0277	
35	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0118	
	Herz-Blutgefuesse	0.0082	
	Lunge	0.0074	
	Niere	0.0124	
40	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
45	Brust	0.0068	
	Eierstock-Uterus	0.0205	
	Endokrines Gewebe	0.0245	
	Foetal	0.0163	
50	Gastrointestinal	0.0732	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0259	
	Hoden	0.0156	
	Lunge	0.0164	
55	Nerven	0.0191	
	Prostata	0.0064	
	Sinnesorgane	0.0542	

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0046	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0227	0.0044	5.1984	0.1924	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000	10
Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187	
Gehirn	0.0059	0.0011	5.4187	0.1845	
Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0446	0.0000	undef	0.0000	15
Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0075	0.0071	1.0534	0.9493	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0307	0.3150	3.1748	
Muskel-Skelett	0.0120	0.0000	undef	0.0000	20
Niere	0.0208	0.0068	3.0391	0.3290	
Pankreas	0.0038	0.0110	0.3428	2.9168	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0119	0.0106	1.1186	0.8939	
Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0254				
Duenndarm	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0383				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0118	40
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Niere	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0068	45
Eierstock-Uterus	0.0137	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0122	50
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0057	
Haut-Muskel	0.0065	
Hoden	0.0156	
Lunge	0.0082	55
Nerven	0.0070	
Prostata	0.0128	
Sinnesorgane	0.0000	
		60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

30		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
35	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
40	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
50	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
55	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef	5
Brust	0.0107	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0213	0.0026	8.1803	0.1222	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000	undef	10
Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0212	0.0077	2.7647	0.3617	
Haematopoetisch	0.0000	0.0378	0.0000	undef	15
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	20
Hoden	0.0244	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0087	0.0047	1.8435	0.5424	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025	
Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef	
Uterus	0.0033	0.0142	0.2321	4.3088	35
Brust-Hyperplasie	0.0036				
Duenndarm	0.0031				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				40
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				45
					50
					55
					60
					65

FOETUS

%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0000	
Gastrointestinal	0.0062	35
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	40
Lunge	0.0111	
Niere	0.0062	
Prostata	0.0000	45
Sinnesorgane	0.0000	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

Brust	0.0000	45
Eierstock-Uterus	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0047	50
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	55
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0050	60
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0155	

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0133	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0008	0.0011	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0071	0.0021	3.3559	0.2980
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
25	Duennndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0000			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0062			
40	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0279			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
45		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
50	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0000			
55	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 60

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0186	0.0051	3.6370	0.2750	5
Brust	0.0160	0.0044	3.6695	0.2725	
Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686	0.8557	
Endokrines_Gewebe	0.0201	0.1634	0.1228	8.1438	10
Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0305	0.0110	2.7868	0.3588	
Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000	15
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0244	0.0275	0.8864	1.1282	20
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0050	0.0047	1.0534	0.9493	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9985	0.5004	
Niere	0.0000	0.0205	0.0000	undef	
Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef	30
Penis	0.0359	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0119	0.0149	0.7990	1.2515	
Uterus	0.0099	0.0071	1.3925	0.7181	35
Brust-Hyperplasie	0.0109				
Duennndarm	0.0093				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				40
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0353				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				45
					50
					55
					60
					65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
	Brust	0.0306	0.0022	14.0663	0.0711
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895	2.5671
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0027	2.0093	0.4977
	Gastrointestinal	0.0058	0.0238	0.2443	4.0937
10	Gehirn	0.0068	0.0022	3.0964	0.3230
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0075	0.0047	1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0043	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0145			
25	Duenndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0062			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
40	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0137			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
50	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
55	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0155			
60					
65					

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000 undef	5
Brust	0.0120	0.0022	5.5042 0.1817	
Eierstock	0.0030	0.0104	0.2922 3.4228	
Endokrines Gewebe	0.0055	0.0027	2.0093 0.4977	
Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214 0.8187	
Gehirn	0.0119	0.0131	0.9031 1.1073	10
Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef	
Herz	0.0000	0.0137	0.0000 undef	
Hoden	0.0183	0.0000	undef 0.0000	15
Lunge	0.0037	0.0024	1.5801 0.6329	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855 3.5025	
Niere	0.0030	0.0000	undef 0.0000	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef	
Penis	0.0090	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0024	0.0085	0.2797 3.5758	
Uterus	0.0083	0.0142	0.5802 1.7235	
Brust-Hyperplasie	0.0073			
Duennndarm	0.0000			25
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0353			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			30

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0307	
Gastrointestinal	0.0123	35
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0079	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Niere	0.0000	40
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	45
Eierstock-Uterus	0.0023	
Endokrines Gewebe	0.0245	
Foetal	0.0052	
Gastrointestinal	0.0000	50
Haematopoetisch	0.0171	
Haut-Muskel	0.0097	
Hoden	0.0078	
Lunge	0.0246	
Nerven	0.0271	55
Prostata	0.0192	
Sinnesorgane	0.0000	

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0232	0.0204	1.1366	0.8799
	Brust	0.0267	0.0087	3.0579	0.3270
	Eierstock	0.0304	0.0130	2.3372	0.4279
	Endokrines Gewebe	0.0529	0.0735	0.7194	1.3901
	Gastrointestinal	0.0174	0.0048	3.6642	0.2729
10	Gehirn	0.0170	0.0208	0.8148	1.2272
	Haematopoetisch	0.0070	0.0378	0.1848	5.4110
	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0198	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0180	0.0550	0.3276	3.0528
15	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
	Lunge	0.0249	0.0118	2.1069	0.4746
	Magen-Speiserohre	0.0386	0.0153	2.5198	0.3968
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0180	0.6662	1.5011
	Niere	0.0089	0.0068	1.3025	0.7678
20	Pankreas	0.0170	0.0055	3.0855	0.3241
	Penis	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0357	0.0149	2.3971	0.4172
	Uterus	0.0297	0.0214	1.3925	0.7181
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duennndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

30		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0154
	Gastrointestinal	0.0185
35	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0491
	Lunge	0.0037
	Niere	0.0432
40	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0272
	Eierstock-Uterus	0.0342
	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0157
50	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0648
	Hoden	0.0312
	Lunge	0.0246
55	Nerven	0.0151
	Prostata	0.0192
	Sinnesorgane	0.0697

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0232	0.0102	2.2731	0.4399	5
Brust	0.0240	0.0065	3.6695	0.2725	
Eierstock	0.0213	0.0416	0.5113	1.9559	
Endokrines_Gewebe	0.0237	0.0027	8.7071	0.1148	10
Gastrointestinal	0.0213	0.0381	0.5598	1.7863	
Gehirn	0.0136	0.0099	1.3762	0.7266	
Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000	15
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0248	0.0129	1.9129	0.5228	
Herz	0.0191	0.0137	1.3873	0.7208	20
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0112	0.0095	1.1851	0.8438	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000	25
Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565	1.1675	
Niere	0.0149	0.0205	0.7236	1.3820	
Pankreas	0.0076	0.0055	1.3713	0.7292	30
Penis	0.0269	0.0267	1.0108	0.9893	
Prostata	0.0333	0.0170	1.9576	0.5108	
Uterus	0.0099	0.0071	1.3925	0.7181	35
Brust-Hyperplasie	0.0145				
Duenndarm	0.0343				
Prostata-Hyperplasie	0.0178				40
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0139				45
					50
					55
					60
					65

FOETUS

	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	
Gastrointestinal	0.0062	35
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0039	
Herz-Blutgefuesse	0.0082	40
Lunge	0.0000	
Niere	0.0062	
Prostata	0.0249	45
Sinnesorgane	0.0140	

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	45
Eierstock-Uterus	0.0137	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0023	50
Gastrointestinal	0.0244	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0227	55
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0110	60
Prostata	0.0385	
Sinnesorgane	0.0155	

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0139	0.0026	5.4554	0.1833
	Brust	0.0093	0.0022	4.2811	0.2336
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0036	0.0082	0.4465	2.2395
	Gastrointestinal	0.0000	0.0095	0.0000	undef
10	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0066	0.0214	0.3094	3.2316
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
25	Duenndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

30		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
35	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0041
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0062
40	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0070
50	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0078
	Lunge	0.0164
55	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0064
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0077	0.0000 undef	5
Brust	0.0120	0.0022	5.5042 0.1817	
Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843 1.7114	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000 undef	
Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef 0.0000	
Gehirn	0.0008	0.0033	0.2580 3.8754	10
Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0053	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef	15
Lunge	0.0062	0.0071	0.8779 1.1391	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	20
Pankreas	0.0019	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0119	0.0000	undef 0.0000	
Uterus	0.0033	0.0071	0.4642 2.1544	
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0000			25
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			30

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	35
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0236	
Herz-Blutgefuesse	0.0082	
Lunge	0.0074	
Niere	0.0000	40
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	45
Eierstock-Uterus	0.0046	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0023	
Gastrointestinal	0.0000	50
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0130	
Hoden	0.0078	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0020	55
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0232	0.0051	4.5462	0.2200
	Brust	0.0506	0.0044	11.6200	0.0861
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0028	0.0378	0.0739	13.5274
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0254	0.0137	1.8498	0.5406
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0025	0.0071	0.3511	2.8478
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0240	0.0714	14.0102
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0872			
25	Duenn darm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Herz-Blutgefuesse	0.0082			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
40	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
45		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
50	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
55	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0046	0.0077	0.6062 1.6497	5
Brust	0.0253	0.0044	5.8100 0.1721	
Eierstock	0.0152	0.0312	0.4869 2.0537	
Endokrines Gewebe	0.0146	0.0163	0.8930 1.1198	
Gastrointestinal	0.0078	0.0048	1.6285 0.6141	
Gehirn	0.0170	0.0110	1.5482 0.6459	10
Haematopoetisch	0.0056	0.0378	0.1478 6.7637	
Haut	0.0099	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651 1.3069	
Herz	0.0106	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	15
Lunge	0.0050	0.0118	0.4214 2.3732	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0300	0.0571 17.5127	
Niere	0.0297	0.0205	1.4472 0.6910	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef	20
Penis	0.0180	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0048	0.0085	0.5593 1.7879	
Uterus	0.0198	0.0142	1.3925 0.7181	
Brust-Hyperplasie	0.0327			
Duenndarm	0.0125			25
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			30
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0154			
Gastrointestinal	0.0123			35
Gehirn	0.0063			
Haematopoetisch	0.0079			
Herz-Blutgefuesse	0.0123			
Lunge	0.0259			
Niere	0.0124			
Prostata	0.0000			40
Sinnesorgane	0.0140			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			45
Brust	0.0136			
Eierstock-Uterus	0.0023			
Endokrines_Gewebe	0.0245			
Foetal	0.0070			
Gastrointestinal	0.0122			50
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0065			
Hoden	0.0156			
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0141			55
Prostata	0.0064			
Sinnesorgane	0.0000			
				60
				65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0051	0.0033	1.5482	0.6459
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
35	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Niere	0.0000	
40	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
45	Brust	0.0000	
	Eierstock-Uterus	0.0000	
	Endokrines Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0105	
50	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
55	Nerven	0.0100	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0077	

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 70

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0186	0.0026	7.2739	0.1375	5
Brust	0.0666	0.0044	15.2895	0.0654	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0347	0.0436	0.7954	1.2573	
Gastrointestinal	0.0078	0.0095	0.8143	1.2281	
Gehirn	0.0288	0.0077	3.7599	0.2660	10
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0497	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0498	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0125	0.0095	1.3168	0.7594	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0086	0.0420	0.2039	4.9036	
Niere	0.0178	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0799				
Duenndarm	0.0000				25
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0070				30
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0031				35
Gehirn	0.0313				
Haematopoetisch	0.0039				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0074				
Niere	0.0000				
Prostata	0.0000				40
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				45
Brust	0.0272				
Eierstock-Uterus	0.0068				
Endokrines_Gewebe	0.0245				
Foetal	0.0099				
Gastrointestinal	0.0000				50
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0156				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0120				55
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
					60
					65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 71

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5					
	Blase	0.0232	0.0051	4.5462	0.2200
	Brust	0.0173	0.0044	3.9753	0.2516
	Eierstock	0.0091	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0163	0.3349	2.9861
	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0034	0.0131	0.2580	3.8754
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0047	1.3168	0.7594
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2599	0.7937
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0119	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0076	0.0166	0.4571	2.1876
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0071	0.0085	0.8390	1.1919
25	Uterus	0.0165	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duennndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35		
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0062
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Herz-Blutgefasse	0.0123
	Lunge	0.0074
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
45	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50		
	Brust	0.0068
	Eierstock-Uterus	0.0091
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0064
	Gastrointestinal	0.0000
55	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0156
	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0040
60	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0155

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef	5
Brust	0.0107	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0078	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0017	0.0055	0.3096	3.2295	
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef	
Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0012	0.0024	0.5267	1.8986	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0095	0.0043	2.2373	0.4470	
Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088	
Brust-Hyperplasie	0.0000				25
Duennndarm	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				30
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0092				35
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Niere	0.0062				40
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				45
Brust	0.0068				
Eierstock-Uterus	0.0068				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0035				50
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0171				
Haut-Muskel	0.0097				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0082				55
Nerven	0.0030				
Prostata	0.0128				
Sinnesorgane	0.0000				60
					65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 73

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0511	0.0026	20.00330	0.0500
	Brust	0.0506	0.0044	11.62000	0.0861
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0027	4.6885	0.2133
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
10	Gehirn	0.0059	0.0077	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0149	0.0065	2.2954	0.4356
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0240	0.4996	2.0015
	Niere	0.0535	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0064	0.7458	1.3409
	Uterus	0.0215	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.1090			
25	Duennndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0615
35	Gastrointestinal	0.0031
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0573
	Lunge	0.0037
40	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0279

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0272
	Eierstock-Uterus	0.0183
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0117
50	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0194
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
55	Nerven	0.0161
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

60

65

DE 198 13 835 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef	5
Brust	0.0093	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0000	0.0024	0.0000	undef	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000	
Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000				25
Duennndarm	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
FOETUS					
%Haeufigkeit					
Entwicklung	0.0000				35
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				40
Lunge	0.0000				
Niere	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haeufigkeit					
Brust	0.0000				45
Eierstock-Uterus	0.0114				
Endokrines_Gewebe	0.0245				50
Foetal	0.0006				
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				55
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0010				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				60

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Brust	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895	2.5671
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0190	0.0000	undef
10	Gehirn	0.0017	0.0033	0.5161	1.9377
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0012	0.0024	0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0021	1.1186	0.8939
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duenn darm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0062			
40	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0735			
	Foetal	0.0000			
50	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
55	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			

2.2 Fisher-Test

60 Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

65 Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

5

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23, 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen.

10

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, O in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i: Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

15

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

20

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Brustgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäuren-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

25

30

35

40

45

50

55

60

65

TABELLE I

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.-länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokalisat.
1	im normalen Brustgewebe erhöht	humaner Prä-mRNA splicing Faktor	205	2031	unbkt.
2	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	248	1081	Chrom.3, D3S1265- D3S1311
3	im normalen Brustgewebe erhöht	humanes Homolog des Perilipin A aus Ratte	247	1318	unbkt.
4	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	256	731	unbkt.
5	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	237	2719	Chrom.15, D15S120- 15qter
10	im normalen Brustgewebe erhöht	humanes Homolog des fsp-27	310	786	Chrom.3, D3S1597- D3S1263
11	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	239	1062	Chrom.17, D17S787- D17S792
12	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	241	1471	Chrom.2, D2S315- D2S2237
13	im normalen Brustgewebe erhöht	humanes LOT1	214	2738	unbkt.

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.-länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokalisat.
14	im normalen Brust- und Prostatagewebe erhöht	unbekannt	225	1710	unbkt.
15	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	228	3159	unbkt.
16	im normalen Brustgewebe erhöht	humaner nukleärer Faktor I-B2	249	1708	unbkt.
18	im normalen Brustgewebe erhöht	humanes Dermatoptin	188	1722	unbkt.
19	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	287	1612	unbkt.
20	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	144	387	unbkt.
21	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	248	1304	unbkt.
22	im normalen Brustgewebe erhöht	verwandt mit humanem Inter-alpha-trypsin Inhibitor H (3)	288	1533	unbkt.
23	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	204	1304	unbkt.
24	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	291	2403	unbkt.
25	im normalen Brust- und Ovarialgewebe erhöht	unbekannt	286	2517	Chrom.2, D2S155-D2S2382
26	ca. 9 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	pI-Untereinheit des humanen GABA-A Rezeptors	268	1668	unbkt.
27	ca. 7 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	Collagen IV (Alpha-Kette)	238	1416	Hum. Chrom.13 (D13S1315)

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.-	Länge der angemel.	Chromos. Lokallsat.
28	ca. 3 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	mäßige Homologie zur Glutamat-bindenden Untereinheit des NMDA-Rezeptors, möglicherweise humanes Gegenstück des Drosophila NMDA-Rezeptors assoziierten Proteins	244	1768	unbkt.
29	ca. 4 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	humanes β -Spectrin	247	3479	STS nicht gemappt
30	stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	unbekannt	88	933	unbkt.
31	ca. 3 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	wahrscheinlich humanes Gegenstück des "SRD-2 mutant sterol regulatory element binding protein-2 (AREBP-2)" von Cricetulus griseus	269	2783	Hum. Chrom. 12 zw. D12S1648u. D12S1620 (53-65 cM)
32	ca. 5 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	humanes Protein Kinase A Anker-Protein; bindet die regulatorische Untereinheit (RII) der Protein-Kinase A	265	3411	Hum. Chrom. 17 zw. D17S790u D17S794 (75-84 cM).

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.-länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromosom Lokalisat.
33	ca. 5 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	humanes Mi-2 Autoantigen, vermutlich eine Helicase, die die Transkription aktiviert	244	1393	Hum. Chrom. 12 zw. D12S93u D12S77 (12-21 cM)
34	ca. 7 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	unbekannt	258	1236	unbkt.
35	ca. 10 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe und ausschl. in Brust exprimiert	humanes "obese protein" (ob)	237	749	Hum. Chrom. 7
36	ca. 6 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	humanes Duffy-Antigen (DARC-Gen)	271	1251	unbkt.
37	ca. 8 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	möglicherweise ein neues Mitglied der Familie der Adipophiline, dies sind Fettspeicher-assoziierte Proteine	199	3283	unbkt.
38	ca. 5 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	humanes Semaphorin E, vermittelt möglicherweise zelluläre Resistenz gegen cis-Platinum (CDDP), einer in der Chemotherapie häufig verwendeten Substanz	240	2720	unbkt.

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.- länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokalisat.
39	ca. 21 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	humanes alpha-B-Crystallin-Gen, ursprüngl. als linsen-spezifisches Gen kloniert, scheint es im Endometrium durch Progesteron und Östrogen reguliert zu werden. Die Expression korreliert mit der Nicht-proliferativen Phase des Menstruationszyklus.	247	1036	STS nicht gemappt
40	ca. 4 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe, ca. 7 x stärker im normalen Prostatagewebe als im entspr. Tumorgewebe, ca. 6 x stärker im normalen Blasengewebe als im entspr. Tumorgewebe	humanes extrazelluläres Protein S1-5	265	2659	Hum. Chrom. 2 zw. D2S2371u. D2S388 (107-111 cM)
41	ca. 15x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe, ca. 7 x stärker im normalen Blasengewebe als im entspr. Tumorgewebe	humane Lipoprotein-Lipase	252	2939	Hum. Chrom. 8p21 (s. Literatur)
42	ca. 12 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe, ca. 20 x stärker im normalen Blasengewebe als im entspr. Tumorgewebe	sezerniertes "frizzled-related protein", also ein Gen, das im "wingless-pathway" ("frizzled" ist der "wingless"-Rezeptor) eine Rolle spielen könnte	273	3670	STS nicht kartiert

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg. - länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokalisat.
43	ca. 6 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	unbekannt	259	1025	Hum. Chrom. 10 zw. D10S222u. D10S597 (131-137 cM)
44	ca. 4 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe,	c-myc Proto-Onkogen	339	1219	Hum. Chrom. 8 zwischen D8S263 u. D8S284 (140-142 cM)
45	ca. 9x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	möglicherweise humanes Gegenstück eines Fettzellen-spezifischen Gens der Maus	328	538	unbkt.
46	ca. 6 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	humanes Profilin II, es spielt eine Rolle beim Zusammenbau des Zytoskellets und möglicherweise auch bei der zellulären Endozytose	240	1776	Hum. Chrom. 3 zwischen D3S1555u D3S1299 (169-171 cM)
47	im Brustnormalgewebe erhöht	human placenta copper monamine oxidase	256	360	unbkt.

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg. länge	Länge der angemel. Sequenz	Chrosom. Lokalisat.
48	im Brustnormalgewebe erhöht	unbekannt	157	2192	unbkt.
49	im Brustnormalgewebe erhöht	human ras-like protein	305	2952	unbkt.
50	im Brustnormalgewebe erhöht	unbekannt	188	615	Chrom. 7
51	im Brustnormalgewebe erhöht	unbekannt	290	1488	
52	im Brustnormalgewebe erhöht	unbekannt	174	1304	Chrom. 11
53	im Brustnormalgewebe erhöht	unbekannt	289	2262	unbkt.
54	im Brustnormalgewebe erhöht	Homologes zu human B4-2 protein mRNA	306	1301	Chrom. 6

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg. länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokalisat.
55	im Brustnormalgewebe erhöht	human mitochondrial aldehyde dehydrogenase I	321	2036	Chrom. 12, D12S84- D12S369
56	im Brust- und Gehirnnormalgewebe	human mRNA for long-chain acyl-CoA synthetase	269	1265	Chrom. 4
57	im Brustnormalgewebe erhöht	prepro-melanin-concentrating hormone	247	274	unbkt.
58	im Brustnormalgewebe erhöht	unbekannt	270	2073	Chrom. 2
59	in Brust- und Prostata normalgewebe erhöht	mögliches neues Mitglied der humanen tob- Genfamilie	205	850	unbkt.
60	in Brust- und Blasen normalgewebe erhöht	unbekannt	229	2091	unbkt.

5
10
15
20
25
30
35
40
45
50
55
60
65

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg. - länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokallsat.
61	im Brustnormalgewebe erhöht	humanes Homologes zu Mouse Kryn	225	2952	Chrom. 4
62	im Brustnormalgewebe erhöht	unbekannt	223	2313	unbkt.
63	im Brustnormalgewebe erhöht	mögliches neues Mitglied der PDGF-Rezeptorfamilie	192	1650	unbkt.
64	im Brust- und endokrinem Normalgewebe erhöht	humanes Homologes zu Pig UMP-CMP Kinase	223	2851	human STS SHGC-36697
65	in Brust- und Blasennormalgewebe erhöht	unbekannt	221	1071	unbkt.
66	im Brustnormalgewebe erhöht	human cAMP phosphodiesterase mRNA	199	2375	
67	im Brust- und Blasennormalgewebe erhöht	human antigen CD 36	221	1823	unbkt.
68	im Brustnormalgewebe erhöht	humanes Homolog to Schizosaccharomyces pombe sad1+ gene; Spindle pole body protein	248	2403	unbkt.
69	im Brustnormalgewebe erhöht	unbekannt	230	1246	unbkt.

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.-länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokalisat.
70	im Brust- und Blasennormalgewebe erhöht	human lipoprotein lipase	225	2939	Chrom. 8
71	ca. 4 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	vermutlich neues humanes Gen mit eine DNA-Box, die für eine SH3-Domäne kodiert (SH3-Protein), diese Proteine sind Mediatoren der Interzellulären Zellkommunikation	263	1950	
72	stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	neues humanes Gen, das möglicherweise einen Transkriptionsfaktor darstellt, auf Nukleinsäure-Ebene besteht eine gewisse Sequenzidentität zu dem DNA-bindenden Protein CROC-1A	240	814	
73	ca. 12 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe, ca. 20 x stärker im normalen Blasengewebe als im entspr. Tumorgewebe	sezerniertes humanes Gen, das mit Drosophila "frizzled" verwandt ist, es spielt eine Rolle beim programmierten Zelltod (Apoptosis)	404	3216	
74	stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	vermutlich humanes Gegenstück des Maus Sox-18 Gens, die Sox-Gene stellen eine wichtige Gruppe von Transkriptionsfaktoren dar, die Entwicklungsprozesse wie z.B. die Sex-Determination (Sox9) mitsteuern. Sox-Gene weisen eine so.g HMG-Box ("high mobility group") auf, Maus-Sox 18 ist verwandt mit Sry ("testis-determining factor")	264	747	
76	stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	unbekannt	296	2419	

DE 198 13 835 A 1

Tabelle II

	DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.
5	1	77
	2	78
		79
		80
		81
10	3	82
	4	83
	5	84
	10	85
15		86
	11	87
	12	88
	13	89
	14	90
20	15	91
	18	92
	19	93
	20	94
	21	95
25	22	96
	23	97
	24	98
		99
	25	100
30		101
		102
		103
	28	104
	30	105
35		106
		107
	31	108
	34	109
		110
40		111
		112
	37	113
	42	114
	43	115
45		116
		117
	45	118
		119
		120
50		121
	48	122
		123
	50	124
		125
55	51	126
	52	127
	53	128
	54	129
	57	130
60		131
	58	132
		133
	59	134
		135
65		136
	60	137
	61	138
	62	139

DE 198 13 835 A 1

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen Seq. ID. No.	
	140	
	141	
63	142	5
	143	
	144	
	145	
64	146	
65	147	10
68	148	
69	149	
	150	
71	151	
72	152	15
	153	
	154	
	155	
	156	
74	157	20
76	158	
	159	
	160	

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

30

35

40

45

50

55

60

65

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

- 5 (i) ANMELDER:
(A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
(B) STRASSE: Ihnestrasse 63
10 (C) STADT: Berlin
(E) LAND: Deutschland
(F) POST CODE (ZIP): D-14195
(G) TELEFON: (030)-8413 1672
15 (H) TELEFAX: (030)-8413 1671
- 20 (ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus
Brustgewebe
- 25 (iii) Anzahl der Sequenzen: 154
- (iv) COMPUTER READABLE FORM:
(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
30 (B) COMPUTER: IBM PC compatible
(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
(D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)
- 35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:
- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2031 Basenpaare
40 (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 55 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 60 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

ATTGCATCAG	CCCGCCTGGA	AGAAGTCACT	GGGAAGCTAC	AAGTAGCTCG	GAACCTTATC	60	
ATGAGGGGGA	CGGAGATGTG	CCCCAAGAGT	GAAGATGTCT	GGCTGGAAGC	AGCCAGGTTG	120	5
CAGCCTGGGG	ACACAGCCAA	GGCCGTGGTA	GCCCAAGCTG	TCCGTGATCT	CCCACAGTCT	180	
GTCAGGATTT	ACATCAGAGC	CGCAGAGCTG	GAAACGGACA	TTCGTGCAAA	GAAGCGGGTT	240	
CTTCGGAAAG	CCCTCGAGCA	TGTTCCAAAC	TCGGTTTCGT	TGTGGAAAGC	AGCCGTTGAG	300	
CTGGAAGAAC	CTGAAGATGC	TAGAATCATG	CTEAGCCGAG	CTGTGGAGTG	CTGCCCCACC	360	10
AGCGTGGAGC	TCTGGCTTGC	TCTGGCAAGG	CTGGAGACCT	ATGAAAATGC	CCGCAAGGTC	420	
TTGAACAAGG	CGCGGGAGAA	CATTCTTACA	GACCGACATA	TCTGGATCAC	GGCTGCTAAG	480	
CTGGAGGAAG	CCAATGGGAA	CACGCAGATG	GTGGAGAAGA	TCATCGACCG	AGCCATCACC	540	
TCGCTGCGGG	CCAACGGTGT	GGAGATCAAC	CGTGAGCAGT	GGATCCAGGA	TGCCGAGGAA	600	
TGTGACAGGG	CTGGGAGTGT	GGCCACCTGC	CAGGCCGTCA	TGCGTGCCGT	GATTGGGATT	660	15
GGGATTGAGG	AGGAAGATCG	GAAGCATACC	TGGATGGAGG	ATGCTGACAG	TTGTGTAGCC	720	
CACAAATGCC	TGGAGTGTGC	ACGAGCCATC	TACGCCTACG	CCCTGCAGGT	GTTCCCCAGC	780	
AAGAAGAGTG	TGTGGCTGCG	CGCCGCGTAC	TTGAGAAGA	ACCATGGCAC	TCGGGAGTCC	840	
CTGGAAGCAC	TCCTGCAGAG	GGCTGTGGCC	CACTGCCCCA	AAGCAGAGGT	GCTGTGGCTC	900	20
ATGGGCGCCA	AGTCCAAGTG	GCTGGCAGGG	GATGTGCTTG	CAGCAAGGAG	CATCCTGGCC	960	
CTGGCCTTCC	AGGCCAACCC	CAACAGTGAG	GAGATCTGGC	TGGCAGCCGT	GAAGCTGGAG	1020	
TCCGAGAATG	ATGAGTACGA	GCGGGCCCGG	AGCTGTCTGG	CCAAGGCGCG	GACAGTGCCC	1080	
CCACCGCCCG	GGTGTTCATG	AAGTCTGTGA	AGCTGGAGTG	GGTGCAAGAC	AACATCAGGG	1140	
CAGCCAAGA	TCTGTGCGAG	GAGGCCCTGC	GGCACTATGA	GGACTTCCCC	AAGCTGTGGA	1200	25
TGATGAAGGG	GCAGATCGAG	GAGCAGAAGG	AGATGATGGA	GAAGGCGCGG	GAAGCCTATA	1260	
ACCAGGGGTT	GAAGAAGTGT	CCCCACTCCA	CACCCCTGTG	GCTTTTGCTC	TCTCGGCTGG	1320	
AGGAGAAGAT	TGGGCAGCTT	ACTCGAGCAC	GGGCCATTTT	GGAAAAGTCT	CGTCTGAAGA	1380	
ACCCAAGAA	CCCTGGGCTG	TGGTTGGAGT	CCGTGCGGCT	GGAGTACCGT	GCGGGGCTGA	1440	
AGAACATCGC	AAATACACTC	ATGGCCAAGG	CGCTGCAGGA	GTGCCCCAAC	TCCGGTATCC	1500	30
TGTGGTCTGA	GGCCATCTTC	CTCGAGGCAG	GGCCCCAGAG	GAGGACCAAG	AGCGTGGATG	1560	
CCCTGAAGAA	GTGTGAGCAT	GACCCCATG	TGCTCCTGGC	CGTGGCCAAG	CTGTTTGGGA	1620	
GTCAGCGGAA	GATACCAAG	GCCAGGGAGT	GGTTCACCG	CACTGTGAAG	ATTGACTCGG	1680	
ACCTGGGGGA	TGCTGGGGCC	TTCTTCTACA	AGTTTGAGCT	GCAGCATGGC	ACTGAGGAGC	1740	35
AGCAGGAGGA	GGTGAGGAAG	CGCTGTGAGA	GTGCAGAGCC	TCGGCATGGG	GAGCTGTGGT	1800	
GCGCCGTGTC	CAAGGACATC	GCCAACTGGC	AGAAGAAGAT	CGGGGACATC	CTTAGGCTGG	1860	
TGGCCGGCCG	CATCAAGAAC	ACCTTCTGAT	TGAGCGGTTG	CCATGGCCGG	TCTCCGTGGG	1920	
GCAGGGTTGG	GCCGCATGTG	GAAGGGCTCT	GAGCTGTGTC	CTCCTTCATT	AAAAGTTTTT	1980	
ATGTCTCGTG	TCAGAAAAAA	AAAGAAAAGA	AAAAAGGGGG	CGCCCGGGGG	C	2031	40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1081 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2

```

10 AAGACCCCGT CTCTACAAAG CAAAACGAAA AACACAAAT GGAGTTGTGC TATGTTGTAT 60
   TGCTTTGCAC AAAATTAGGA ACAGGTGTTT GACAATTGAA TTTGTTTCT GTGAATTCTA 120
   ACCTCTAAAG GCATGCTTAG AGGTCAAGGA CCTTCCTGTG TAGTTGGTGC AAAAGCAATC 180
   TCCACAGGAC AGCACTGCTT CCATGCTTCA TACATCAGGA AATGAGGCCA GAACTTGAGT 240
   ATTTACTAAC ACGTTTTTCA AAAGATGTCA GTGTTATACC TAAAGCTAAA AAAAAGCAAG 300
15 GGTGTGTCAT AGAGGGAACC TCTAAATAAT TTCAGGGGTA GGGGAGATGT TGTC AATAGG 360
   AAATGGGATA AAATATCAAG AGACAATGAA AACACTGCCT TGACATGAGG ACCAGCAAGT 420
   TTATTCTTTT CATTTCAGT GATGTTGGGA ATGGACTGGG TTTTAAAAGG GAGCTTGAAG 480
   AGGGAATGTT TGACAGTCAC AGAAGGTTCC TGCAGCAGAT GCCTCTTTTA GCCATTCTC 540
   ATTTTTTTCC TCAAATTTTA CCTACTGAGG CTCAAGCCTT CACAGTGAGC TGATGGTCTC 600
20 TACAGGGGAG GGGAGTCTAG GGAATTTATT TGGTATTGT AAGGCAAGAG GTGATTCTC 660
   TCTAATATAT CTGAGTTATT GCTCATTTAA AACTGTTAAG TCCAGTATAA TTTTCCCTGA 720
   TATGAAAAAA TGTGCATTTT TTTCACCTAG CAACAAAGTA CCTTCTAATT TCCAATAGTC 780
   CGTGAAAGTT GGGGCTGAAG TACCTAAGTG TGAATGTCTC TCCCGTTAAA CTGAGTGTAG 840
25 AAATCTGAAT TTTTAAAAGA GCTGTAATA GTTGTAAGTG CTTAGGAAGA AACTTTGCAA 900
   ACATTTAATG AGGATACACT GTTCATTTT AAAATTCCTT CACACTGTAA TTTAATGTGT 960
   TTTATATTCT TTTGTAGTAA AACACATAA CTCAGATTTC TACAGGAGAC AGTGGTTTTA 1020
   TTTGGATTGT CTTCTGTAAT AGGTTTCAAT AAAGCTGGAT GAACTTAAAA AAAAAAAAAA 1080
   A 1081
30

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1318 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3

65

```

GCCAAAGCGC AGGGTCAGCG ACACTTCTTC CGGCCCAACG CCGTGCATGG AGCCCATCCT 60
GGGCCGCACG CATTACAGCC AGCTGCGCAA GAAGAGCTGA GTCGCCGCAC CAGCCGCCGC 120

```

GCCCGGGGCC GCGGGGTTTC TCTAACAAAT AAACAGAACC CGCACTGCCC AGGCGAGCGT 180
 TGCCACTTTC AAAGTGGTCC CCTGGGGAGC TCAGCCTCAT CCTGATGATG CTGCCAAGGC 240
 GCACTTTTFA TTTTATTTT ATTTTATTT TTTTITTAGC ATCCTTTTGG GGCTTCACTC 300
 TCAGAGCCAG TTTTAAAGG ACACCAGAGC CGCAGCCTGC TCTGATTCTA TGGCTTGGTT 360
 GTTACTATAA GAGTAATTGC CTAACCTGAT TTTTCATCTC TTTAACCAA CTTGTGGCCA 420
 AAAGATATTT GACCGTTTCC AAAATTCAGA TTCTGCCTCT GCGGATAAAT ATTTGCCACG 480
 AATGAGTAAC TCCTGTCACC ACTCTGAAGG TCCAGACAGA AGGTTTGGAC ACATTCTTAG 540
 CACTGAACTC CTCTGTGATC TAGGATGATC TGTTCCCCCT CTGATGAACA TCCTCTGATG 600
 ATCTAGGCTC CCAGCAGGCT ACTTTGAAGG GAACAATCAG ATGCAAAAGC TCTTGGGTGT 660
 TTATTTAAAA TACTAGTGTC ACTTCTGAG TACCCGCCGC TTCACAGGCT GAGTCCAGGC 720
 CTGTGTGCTT TGTAGAGCCA GCTGCTTGCT CACAGCCACA TTTCCATTG CATCATTACT 780
 GCCTTCACCT GCATAGTCAC TCTTTGATG CTGGGGAACC AAAATGGTGA TGATATATAG 840
 ACTTTATGTA TAGCCACAGT TCATCCCCAA CCTAGTCTT CGAAATGTTA ATATTTGATA 900
 AATCTAGAAA ATGCATTCAT ACAATTACAG AATTCAAATA TTGCAAAGG ATGTGTGTCT 960
 TTCTCCCCGA GCTCCCTGT TCCCTTCAT TGAAAACCAC CACGGTGCCA TCTCTTGTGT 1020
 ATGCAGGGCT ATGCACCTGC AGGCACGTGT GTATGCACTC CCCGCTTGTG TTTACACAAG 1080
 CTGTGGGGTG TTACGCATGC CTGCTTTTTT CACTTAATAA TACAGCTTGG AGAGATTTTT 1140
 GTATCACATT ATAAATCCCA CTCGCTCTTT TTGATGGCCA CATAATAACT ACTGCATAAT 1200
 ATGGATACGC CTTATTTGAT TTAAGTAGTT CCCTAATGAT GGACTTTTAA GTTGTTCCT 1260
 TTTTTTTTCT TTTTGTCTAC TGCAAACGAT GCTATAATAA ATGTCCTTAT CAAAAATG 1318

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 731 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4

CTTGGGACAA GACTCTCACC AGCACATCAC ACACGTTCTC CTTGGAAGAG AGAAGCAGTA 60
 CATCCCGGTT GAGAGGTCAC AAAGCATTAG TGGAAGAAAT GTGGTAAAGG GGGGAAGGTG 120
 TTATGCGGCT GCTCCCTCCG TCCCAGAGGT GGCAGTGATT CCATAATGTG GAGACTAGTA 180
 ACTAGATCCT AAGGCAAAGA GGTGTTTCTC CTTCTGGATG ATTCATCCCA AAGCCTTCCC 240
 ACCCAGGTGT TCTCTGAAAG CTTAGCCTTA AGAGAACACG CAGAGAGTTT CCCTAGATAT 300
 ACTCCTGCCT CCAGGTGCTG GGACACACCT TTGCAAAATG CTGTGGGAAG CAGGAGCTGG 360
 GGAGCTGTGT TAAGTCAAAG TAGAAACCCT CCAGTGTTTG GTGTTGTGTA GAGAATAGGA 420
 CATAGGGTAA AGAGGCCAAG CTGCCTGTAG TTAGTAGAGA AGAATGGATG TGGTCTTCT 480
 TGTGTATTTA TTTGTATCAT AAACACTTGG AACACAAAG ACCATAAGCA TCATTTAGCA 540
 GTGTAGCCA TTTTCTAGTT AACTCATGTA AACAAAGTAAG AGTAACATAA CAGTATTACC 600

CTTTCACGTGT TCTCACAGGA CATGTACCTA ATTATGGTAC TTATTTATGT AGTCACTGTA 660
 TTTCTGGATT TTAAATTAA TAAAAAGTT AATTTTGAAA AATCAAAAA AAAAGAAAGG 720
 AAGTAAAAGG A 731

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2719 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

GGAGACCAGG CCCACAGAGA ACAGGGCAAG GAGCAGGCCA TGTTTGATAA GAAGGTGCAG 60
 CTCCAGAGAA TGGTAGACCA AAGGTCGGTG ATTTTCAGATG AAAAGAAAGT TGCCCTCCTC 120
 TATCTAGACA ATGAGGAGGA GGAGAATGAT GGGCATTTGGT TTTAATAAGC AGAAACATTT 180
 TGTTTAAATG GCAGCCTGTT GGCGACGTGC CAACATCCAA AGGCCTTAAC TTATTTTAAG 240
 AGGCCGAGGG AGTCTATGAA AATCTCCCCT TTTTACTTT TTTAAAGAGT ACTCCCGGCA 300
 TGGTCAATTT CCTTTATAGT TAATCCGTAA AGGTTTCCAG TTAATTCATG CCTTAAAGG 360
 CACTGCAATT TTATTTTGA GTTGGGACTT TTACAAAACA CTTTTTCCC TGGAGTCTTC 420
 TCTCCACTTC TGGAGATGAA TTTCTATGTT TTGCACCTGG TCACAGACAT GGCTTGCATC 480
 TGTTTGAAAC TACAATTAAT TATAGATGTC AAAACATTAA CCAGATTAAA GTAATATATT 540
 TAAGAGTAAA TTTTGCTTGC ATGTGCTAAT ATGAAATAAC AGACTAACAT TTTAGGGGAA 600
 AAATAAATAC AATTTAGACT CTAAAAAGTC TTTTCAAAA GAAATGGGAA ATAGGCAGAC 660
 TGTTTATGTT AAAAAAATTC TTGCTAAATG ATTTTCATCTT TAGGAAAAAA TTAGTTGCCA 720
 TATAGAGCTA AATTCATCTT AAGACTTGAA TGAATTGCTT TCTATGTACA GAACTTTAAA 780
 CAATATAGTA TTTATGGCGA GGACAGCTGT AGTCTGTTGT GATATTTTAC ATTCTATTTG 840
 CACAGGTTCC CTGGCACTGG TAGGCTAGAT GATTATTGGG AATCGCTTAC AGTACCATTT 900
 CATTTTTTGG CACTAGGTCA TTAAGTAGCA CACAGTCTGA ATGCCCTTTT CTGGAGTGGC 960
 CAGTTCCCTAT CAGACTGTGC AGACTTGCGC TTCTCTGCAC CTTATCCCTT AGCACCCAAA 1020
 CATTTAATTT CACTGGTGGG AGGTAGACCT TGAAGACAAT GAAGAGAATG CCGATACTCA 1080
 GACTGCAGT GGACCGGCAA GCTGGCTGTG TCACGAAAAA TTGGAAGCAC ACAGTGGACT 1140
 GTGCCCTCTTA AAGATGCCTT TCCCAACCTT CCATTCATGG GATGCAGGTC TTTCTGAGCT 1200
 CAAGGGTGAA AGATGAATAC AATAACAACC ATGAACCCAC CTCACGGAAG CTTTTTTTGC 1260
 ACTTTGAACA GAAGTCATTG CAGTTGGGGT GTTTTGTCCA GGGAAACAGT TTATTAAATA 1320
 GAAGGATGTT TTGGGGAAGG AACTGGATAT CTCTCCTGCA GCCCAGCACC GAGATACCCA 1380
 GGACGGGCCT GGGGGGCGAG AAAGCCCCC ATGCTCATGG GCCGCGGAGT GTGGACCTGT 1440
 AGATAGGCAC CACCGAGTTT AAGATACTGG GATGAGCATG CTTTATTGGA TTCATTTTAT 1500
 TTTACACGTC AGTATTGTTT TAAAGTTTCT GTCTGTAAAG TGTCAGCATCA TATATAAAAA 1560
 GAGTTTCGCT AGCAGCGCAT TTTTCTTAGT TCAGGCTAGC TTCTTTCACA TAATGCTGTC 1620

TCAGCTGTAT	TTCCAGTAAC	ACAGCATCAT	CGCACTGACT	GIGGCGCACT	GGGGAATAAC	1680	
AGTCTGAGCT	AGCACCACCC	TCAGCCAGGC	TACAACGACA	GCACTGGAGG	GTCTTCCCTC	1740	
TCAGATTAC	CTGGAGGCC	TCAGACCCC	AGGGTGCACG	TCTCCCAGG	TCCTGGGAGT	1800	5
GGCTACCGCA	GTAGTTCTG	GAGAGCACGT	TTTCTTCATT	GATAAGTGG	GGAGAAATGC	1860	
AGCACAGCTT	TCAAGATACT	ATTTTAAAA	CACCATGAAT	CAGATAGGGA	AAGAAAGTTG	1920	
ATTGGAATGG	CAAGTTTAAA	CCTTTGTTGT	CCATCTGCCA	AATGAACTAG	TGATTGTCAG	1980	
ACTGGTATGG	AGGTGACTGC	TTTGTAAAGT	TTTGTGTTT	CTAATACAGA	CAGAGATGTG	2040	10
CTGATTTTGT	TTTAGCTGTA	ACAGGTAATG	GTTTTTGGAT	AGATGATTGA	CTGGTGAGAA	2100	
TTTGGTCAAG	GTGACAGCCT	CCTGTCTGAT	GACAGGACAG	ACTGGTGGTG	AGGAGTCTAA	2160	
GTGGGCTCAG	TTTGATGTCA	GTGTCTGGGC	TCATGACTTG	TAAATGGAAG	CTGATGTGAA	2220	
CAGGTAATTA	ATATTATGAC	CCACTTCTAT	TTACTTTGGG	AAATATCTTG	GATCTTAATT	2280	
ATCATCTGCA	AGTTTCAAGA	AGTATTCTGC	CAAAAGTATT	TACAAGTATG	GAATCATGAG	2340	15
CTATTGTTGG	TTGCTAAATG	TGAATCACGC	GGGAGTGAGT	GTGCCCTTCA	CACTGTGACA	2400	
TTGTGACATT	GTGACAAGCT	CCATGTCCCT	TAAAATCAGT	CACTCTGCAC	ACAAGAGAAA	2460	
TCAACTTCGT	GGTTGGATGG	GGCCGGAACA	CAACCAGTCT	TTTTGTATTT	ATTGTTACTG	2520	
AGACAAAACA	GTACTCACTG	AGTGTTTTTC	AGTTTCCTAC	TGGTGGTTTT	GATATTGTTT	2580	20
GTTTAAGATG	TATATTTAGA	ATGACATCAT	CTAAGAAGCT	GATTTTGCTA	AACTCCTGTT	2640	
CCCTACAATG	GGAAATGTCA	CAAGAATGTG	CAAAAATAAA	AATCTGAGGA	AAAAACCCAA	2700	
AAAATTCCTA	AAGAGAATG					2719	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 786 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

gggccgggca	gcccagctga	aggcaataag	ctgggctcac	cgctgcagca	gagttctgtg	60	
ctagccgggc	ataggggcga	gagaaggccc	agaggcgacg	tcagagagaa	gcaactgcgc	120	
cccggtgaag	agaagctcgc	ccatcaccgg	ctgggagcca	gctttcagtg	aagatggcag	180	60
ggccagaact	gttgcttgac	tccaacatct	gcctctgggt	ggtcctaccc	atcgttatca	240	
ctcttcgtag	acatgatccg	ccactacgtg	tccatcctgc	tggagagcga	caagaagctc	300	
acccaggaac	aagtatctga	caggggacga	ggcaccacac	gtccctctcc	cataagcctg	360	
ccaagaagat	tgatgtggcc	cgtgtaacgt	ttgacctgta	caagctgaac	ccacaggact	420	
tcattggctg	cctgaacgtg	aaggcgactt	tttatgatac	atactccctt	tcctatgatc	480	65
tgcactgctg	tggggccaag	cgcacatgta	aggaagcttt	ccgctgggcc	ctcttcagca	540	
tgcaggccac	aggccacgta	ctgcttgcca	cctcctgtta	cctgcagcag	ctcctcgatg	600	
ctacggagga	agggcagccc	cccaagggca	aggcctcatc	ccttatcccc	acctgtctga	660	

DE 198 13 835 A 1

```

agataactgca gtgaaagccc aagtccttgg aagctttccc cagtgaagga ctgactgggg 720
gcctcacgct taactggtag tgcccacaag cctggcagct gtagagccgc gaacctcccc 780
acacctccct caccgcgcag gacctgagt gaggaggagg agctggaaac ctgggggtggg 840
5 ttggccaaag gagaacctca agctcctggc ctgatccagc tccttcctgc ccaaggcagc 900
ttagcccatc cagactggtc ctgaagtctg tccctccatt ggcatgaagt ctgcccctca 960
gcagtcaggc ctcacaggct gtactttcat ggtgctctct accttctggc ccccatccca 1020
gaacattcgt gagtgaattc gcaagcatag tagcatgtga tattaggagg tttgcaataa 1080
attattgatg ctgatgtaaa aaaaaaa 1107
10

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 585 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

```

gtgaatatgt gtgtatatgt gtgtgtatgt gtgtgtgggg tttggggtag aagggagggg 60
45 gggggcagga cagtgtggaa tctctagggg gtatgggtag gtagggggca cagttagttc 120
taagtgggct tttatgctaa aagcctctgg ggatatctgt tttgaaaata aagatagggtg 180
tcccctcctt gctgtcatct agcccagaca ctctgcttgc tctctggctg tctgctccct 240
gggaaggcct taggaggacc acccaggaca ggatgaccat gctgccatct gctctggagc 300
50 tgggtctcag tgcaaggagg cagtgactgt ggatggttgc agtctctggt gggagggtgag 360
gatagaagtg ataaagagct aagaggagct tctgggagcc ttggaggagg tcagtcttgc 420
agtgggtgaag ccaggacata ggagatggag cagggctgtg agaggaggag attctgagga 480
ggatgcaggg gaaatcttgt ctgttaatga aataggggtg ggggtggggtt tgggggtgggg 540
55 tggtcattgc cgtttgagct gctgattttc atgagtcgcc ttcaaaactc tcgtgtaggg 600
ttgacaatgt gggggggtgg gggatccagc ttattctttt attttcaagt ccattcttgg 660
ggctgggtgg gaggcaggag aatacccctc cctaagccct tagtgtgtgc cgagcttgct 720
ttgtgatgtt ggcaaggagg gggagacctg ggtggtgact gagttccctt tatcaaacc 780
ttcaatgggc acaaaattga gtgcttgatt ttaggtttta tttttttatg aatgtccaaa 840
tctgtgtttc ccctgcccct ccagactgt gtggccagtt gaaagtgtct ggtttgtgtt 900
60 catctctccc tcaattcttg agcaggccct gagaccctgc cacatctcct atgctctgca 960
tccacgcctc ttttgacat taaaggttga ttgatgcaaa acaactttac aacggggtgg 1020
cttggggaag cctggggttg gccggcttat ggggttgccg cg 1062

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 833 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

10

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

20

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12

attacaggca tgagccactg taccagcct ttccttataa aattcaaaga gaaaatttct 60
 acacctttat cctctcaaata aaacaagtgc tcagttctta ccgtgccctt gcaaggtcta 120
 tatgtaaaag aaatctgaaa tttagctgta gaataaaact tgataaataa aaagaaaaaa 180
 catacatttc tccagttggt ttgctctttg ctgtgtgaag taataaaccg ttttaaagag 240
 aaaatacttg ctgtaaaccc ccagtgccct caactctttt ggcagaatat ttttaaagaa 300
 atccagcaag caaacctttga ggtgctaag aaagtaaagg aaggtgggtat ttctagtttt 360
 ggcagaaatg aaaagtgtct cacaagagac atcactaccc acgtgggggtc tggctgcttt 420
 ctaccaaaga catttagaga agaagtgaat tgagtcaggg tgatgggtgaa cactacatat 480
 tttatagatg gttaagttag gaattaatta tgtttatcat ggatgggtac taataccaag 540
 ctcatgattg ttgcagcctc aacgtcttag gcagtaaaac ttgtctgcag cactaaaggg 600
 ggagaaaccc ttatatatttg caaactgtcc attcgtaaa ttatttgtaa cctaatacca 660
 aaaactgccg tttttcatat tatttcccca cctcctactt tttttttttt tttttgctac 720
 ttgtaaaata accccttcta gaaaataagc attaatgga atgtttcaaa caattttgct 780
 tcattttact atcagccact agtgaactct tacagagatg tacatttaag ataaaattag 840
 cttgtgctaa gtgttttaaa aacattgttt actgttaaag gggaattgca catttatattt 900
 aactgggatt gctccctccc tcagttcttt aaaaaacaag agtcaaggct cacaccaact 960
 tgtaggctgt gggagctttg ccataggtag atacaatgta gaagtatact tttttaaagc 1020
 atgaagaaga caaggaactt cattataatg taccaggtag aggacattat tattcaaagg 1080
 attatgcaca gctcagtgaa gatgaagtta caatttttct cgcagctttg ttgctattat 1140
 tttcttctgc ataaatgtat gctcatttca ttatgtgcct tgctccctga ttgtgcaaag 1200
 cttatatata tatatatata gatagataga tagatagata gatatatgag agagatatat 1260
 tcagtactac tgaggatggt tttctgagga tgtttttggt ctgctggatt aagttatttt 1320
 ccaagttact cttgccagtt atgtcagtaa actattgtaa tggcttagca cactagtcgt 1380
 acagtcagtg taaatgtttt tcattttacat gttttcatta tatcagctta tcaaatecct 1440
 aataaaaaaa attcatagat ttcatttaaa c 1471

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

60

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2409 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

25	gctccgtgcc	agcatgctac	cctgggaggg	acatccaggg	ttgggaaacg	gggtgtcct	60
	ggatctcatg	actccagcag	caccagctgc	tctctttcc	cttccaagta	gacttccgtt	120
	ccccccac	ttgggtgttt	ttgtttgttt	tagcaattca	gagctcaaga	taaagacctt	180
	aaagataact	ttgtgtgtct	ctccctttct	aggtatttgc	ataggaatca	gaggagttaa	240
	tcttgtctct	tctcacaggt	ttgaatcttc	agacaaact	ctgggaggac	tcggtccatg	300
30	cctcgcagca	gatgttccct	gtcaatcagt	aggcaaattg	gctacccatt	ctccccagaa	360
	atctcaccag	tgtgctcact	gtgagaagac	gttcaaccgg	aaagaccacc	tgaaaaacca	420
	cctccagacc	cacgacccca	acaaaatggc	ctttgggtg	gaggagtgtg	ggaagaagta	480
	caacaccatg	ctgggctata	agaggcacct	ggcctccca	gcggccagca	gtggggacct	540
	cacctgtggg	gtctgtgccc	tggagctagg	gagcaccgag	gtgctactgg	accacctcaa	600
35	agcccatgcg	gaagagaagc	cccctagcgg	aaccaaggaa	aagaagcacc	agtgcgacca	660
	ctgtgaaaga	tgcctctaca	cccggaagga	tgtgcgacgc	cacctggtgg	tccacacagg	720
	atgcaaggac	ttcctgtgcc	agttctgtgc	ccagagattt	gggcgcaagg	atcacctcac	780
	ccggcatacc	aagaagaccc	actcacagga	gctgatgaaa	gagagcttgc	agaccggaga	840
40	ccttctgagc	accttccaca	ccatctcgcc	ttcattccaa	ctgaaggctg	ctgccttgcc	900
	tcctttccct	ttaggagctt	ctgccagaa	cgggcttgca	agtagcttgc	cagctgaggt	960
	ccatagcctc	acctcagtc	cccagaaca	agccgcccag	cctatgcagc	cgctgccaga	1020
	gtccctggcc	tcctccacc	cctcggtatc	ccctggctc	cctccgccac	cccttcccaa	1080
	tcacaagtac	aacaccactt	ctacctcata	ctccccact	gcaagcctgc	ccctcaaagc	1140
45	agatactaaa	ggtttttgca	atatcagttt	gtttgaggac	ttgcctctgc	aagagcctca	1200
	gtcacctcaa	aaagtcaacc	caggttttga	tctggctaag	ggaaatgctg	gtaaagtaaa	1260
	cctgcccag	gagctgcctg	cagatgctgt	gaacctaa	atacctgcct	ctctggacct	1320
	gtccccctg	ttgggcttct	ggcagctgcc	ccctcctgc	acccaaaata	cctttgggaa	1380
	tagcactctt	gcctgggggc	ctggggaatc	tttgcccac	aggttaagct	gtctggggca	1440
50	gcagcagcaa	gaacccccac	ttgcatggg	cactgtgagc	ctgggcccagc	tccccctgcc	1500
	ccccatccct	catgtgttct	cagctggcac	tggctctgcc	atcctgcctc	atttccatca	1560
	tgcattcaga	taattgattt	ttaaagtgt	ttttctgta	tctggaagat	gttttaagaa	1620
	gcattttaaa	tgtcagttac	aatatgagaa	agatttggaa	aacgagactg	ggactatggc	1680
55	ttattcagtg	atgactggct	tgagatgata	agagaattc	cgaactgcat	gtattgtgcc	1740
	aatctgtcct	gagtgttcat	gctttgtacc	aaatttaattg	aacgcgtgtt	ctgtaataca	1800
	actgcaaata	ttgtcataac	caacatccaa	aatgacggc	gctatatata	agtgtttgtc	1860
	atatggaatt	taatcgtaag	ccatgatcat	aatgttaac	aaataacttt	atgtggcact	1920
	gcctagtaag	ggaactatgg	aaaggtttgg	atttctccaa	atctgggaga	attttcaaaa	1980
60	taagaaaaat	acctttatat	gatatactat	gactaggctg	tgtatttctt	ttcagggatt	2040
	tttctacctt	cagggtttga	tgtagtttag	ttactattac	catagccaac	ctgtagtttt	2100
	acataacat	tttcttgtgg	agcaatagag	ttctccatt	tacagaagca	ttttaaatgt	2160
	agtttgaata	ttttccacaa	gatgctgcaa	tgtgagtta	cacttcattt	atcttaaaga	2220
	aagactaaac	tggttgtcag	ttacatctga	cagaaaaaaa	aaaaaaatca	ctgtgtaacc	2280
65	aggttaagt	gtaaaataat	ccaggcgctc	gtcaaaggca	ttttgctgac	tttaatatgt	2340
	atttatattt	taacaggaat	ttaagaaaat	attactggaa	ttaaaaaatat	atatatatta	2400
	aacaagaatt	ttctttgtct	tgtctagctt	aaactactac	tcaagctgct	taagttctta	2460
	agtattgttt	gtaatcacca	ataaataagt	gcatttgtaa	ttcatcagtc	attattagct	2520

tttattaaaa	gaagattacg	ttttacaatg	taactataat	ctcttgaatt	tggtatctta	2580	
ttaatgagtt	ttaaagatgt	aaaacctaac	ctttttttaa	gtccattgt	cttatgtttt	2640	
tagaggcttt	tccgtaaaca	tatatcttac	atataataaa	cttttcaaat	cttgcaaaaa	2700	
aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa			2738	5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1286 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14

cgccgcggcc	cctcctccca	gagcggcagc	cttttccgcg	gcgtgctgcc	ttcgccgctc	60	
gggcccggccg	ggggaaaaca	tggcgtctgc	cctggagcag	ttcgtgaaca	gtgtccgaca	120	
gctctcagct	caagggcaaa	tgacacagct	ttgtgaactg	atcaacaaga	gtggggaact	180	
ccttgcggaag	aacttatccc	atctggacac	tgtgctcggg	gctctggatg	tacaagaaca	240	45
ctccttgggc	gtccttgctg	ttttgtttgt	gaagttttct	atgccagtg	ttcctgactt	300	
cgaaacgcta	ttctcacagg	ttcagctctt	catcagcact	tgtaatgggg	agcacattcg	360	
atatgcaaca	gacacttttg	ctgggctttg	ccatcagcta	acaaatgcac	ttgtggaaag	420	
aaaacagtga	caacataaga	tccaatgtgc	tgccatcttt	gagaacttat	ctgaaagaga	480	
tgtcatttct	gacagcccct	gcgaggaatt	ggcatcctta	agcaagccat	agacaagatg	540	50
cagatgaata	caaaccagct	gacctcaata	catgctgac	tctgccagct	ttgtttgcta	600	
gcaaaatgct	ttaagcctgc	ccttccatat	cttgacgtgg	atatgatgga	tatctgtaaa	660	
gagaatggag	cctatgatgc	aaaacacttt	ttatgttact	attattatgg	agggatgatc	720	
tatactgggc	tgaagaactt	tgaagagct	ctctactttt	atgaacaggc	tataactact	780	
cctgccatgg	cggtcagtca	tatcatgttg	gaatcatata	aaaagtatat	tttagtgtct	840	55
ttgatattac	ttggcaaagt	acaacagcta	ccaaaatata	catctcaaat	tgtgggtaga	900	
ttcattaagc	ctcttagcaa	tgcataccac	gagttagcac	aagtgtattc	aaccaacaac	960	
ccctcagaag	tccgaaacct	ggtgaataag	caagtgaaa	ccttcaactg	cgataacaac	1020	
atggggctgg	tgaagcaatg	cttgtcatct	ctttataaga	agaatattca	gaggctaaca	1080	60
aagacctttt	taactctatc	attacaagat	atggcaagtc	gtgtgcagtt	gtctggacct	1140	
caggaggcag	agaaatacgt	tctgcacatg	atagaagatg	gtgagatttt	tgcaagtatt	1200	
aaccagaagg	acggtatggt	cagtttccat	gataaccctg	aaaaatataa	taaccagacc	1260	
atgcttcata	acattgatca	ggagatgctg	aagtgcattg	agctggatga	gcggctgaaa	1320	
gccatggacc	aggagatcac	agtgaacctt	cagtttgtac	aaaagagtat	gggctcacia	1380	65
gaagatgatt	caggaaacaa	accatccagt	tattcttgaa	actaacatcc	atcctgagct	1440	
aaacaagaga	aactaccatc	ttggccagtg	acaagtgttc	ggagggcagc	agagaggacc	1500	
aagcctgtgt	cacctggaga	ctaagaaatt	aagttttgtt	ttgacatctt	cagtcctgtg	1560	

tgctttcaga aaaccatttt ctctgcaaag aaaggaaaca gatttgcaaa ctttaaagtc 1620
 tgctgtggat ttatttatcc tcagattatt gttactgcat taaatctacc tttttgtttt 1680
 aagttgcttg aacattaaaa aaaaaaaaaa 1710

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1089 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

cgctggataa aagcattaac catcagatcg agtctcccag tgaaaggcgg aagtctataa 60
 gtggaaagaa gctgtgctct tcctgtgggc ttcctttggg taaaggagct gcaatgatca 120
 tcgagaccct caatctctat tttcacatcc agtgtttcag gtgtggaatt tgtaaaggcc 180
 agcttgagaa tgacagttagt gggacggagt ttaggattcg aaatgggtctc ctgaactgta 240
 atgattgcta catgcatcc agaatgtgcc ggacagctac aacattgtga cacggctttc 300
 aagcttccgg atcactcacc atttctttac tgagagtgtc ccctggcaac tgcttaacaa 360
 aatcccaagc tcaggggctt ctcagcattt acctaatttc tgaaaggctc ttctgaaagg 420
 tggatctgt tctttcgtag cacagtgttt atgtttttcc tgtttattgt tttgggtttt 480
 tgtttttttt ttgcatttgc acagtataca caaagaata tggggttgta atgacacctga 540
 atagctcaaa aaagggtttta gcatgggtcaa acaggcttat gggtttaaaat gtgttattct 600
 cttctttggg aattagctaa atgatgcaat aaacctgttt tgttttagaa tgtctaggaa 660
 ttaaaccatt tatgtttaca gaattgagct gcagaaagtg caagacatgc caatttgaga 720
 cacacggctc tctaagactg aaggataaat ttaatgcatt tcagaaacta aacatcacag 780
 caagctctat ctctgagcta taatttgttt ttaatgcaaa gacactagtt tgataatata 840
 tactgtaatc ctgaaacatt tgtgttactt acctttggag gtagaaatta taccaataaa 900
 ttattgcacc gttagtatta gattctgtgt accttggaag ttatgtcatt aatataggct 960
 ggttcatcaa ataaagcaaa accttgcaat atcagctaga ttacactcc gggacgttgc 1020
 ccaaaggtag gaagaaagca gagggaaata tttcagtcac catttccaaa gtcattatca 1080
 aaatctgtga ggaagttaa tcttccaaag agtcaatgtc agacatcagg cctctgttgc 1140
 ctgcttctct cgaggcacta gattagaggt ctcaataag agacttaaca tgaggatat 1200
 ggaagatgag gcaccgagat aagttcatca ttaggtgtga gcaactgtca cccttgctgg 1260
 caagttctcc ttaagggcct gaagcacagg tgtccaaaga aaagcggtta gtccatctta 1320
 atagaatcta tgtggtatat gatgtgtgca gcccttggtc tgtgatcagc aagaacctac 1380
 agcacagatt atgccctgcc cacttcaatg aatacctact ctccctccatt ctccatcact 1440
 ttttttgcta tcaagaactc cggaccttgc ccatggagaa gtttagagag gaactcttgt 1500
 ggagagctgg tttattttct gccctgtgag acgagtttca gctggccaag aaaggagtca 1560
 agttattaaa aagcatcaca atgtagatct ccaggctggt tttttgtttt ttgttgttaa 1620
 gactggggaa agggggacta tttattctgc cttaaatcaa tggcaataa gtcaagatga 1680

DE 198 13 835 A 1

cattttgtga	atgtagacta	tggatacact	cctaatagat	tgatgtagtc	ataaaaagggg	1740	
gtcaagtaga	tgtttttctg	ttatgtaagc	aataattttt	ccgtgtctta	ttgagtatgg	1800	
ctagcgatta	tttattacat	gctagatggg	ttctttgcat	gtgggttcca	tataggtgca	1860	
gaaatttcct	cagccactgg	agggatttcg	accatatttg	tcatttggat	gagctgttat	1920	5
tagattgaaa	tctacacatc	atttcattaa	aaattgtgcc	ttagaaaacg	caaagctggt	1980	
gcacatggcg	ataaattatg	gatgcagtac	attgaagaga	gatgaagtca	cttccaagtt	2040	
tccaagactt	ctcatggagg	tgtttgctgt	tttacaggaa	aaaaataaaa	taaaaaaaga	2100	
aaaaaaagag	aaaaaattaa	attcaaaaaa	tgttttgaaa	atgtacagat	caagtccaat	2160	10
attttgatta	tccacctgca	tgttttatta	aataatttga	taatgtggat	gtttacactt	2220	
tgcatgatat	tagcagagta	ccactagtaa	tgcaaaaaca	tgtacaatat	ggtcattcat	2280	
aaccgatttt	tatagaatac	tttttacctg	tgcaactcca	tccgttatgt	aaggattaca	2340	
tgaatattgc	acattccctt	ctggtttcac	aaacccattt	atacatattt	cttagtgagg	2400	
ctcattgtac	atgtattgaa	gctagaatcg	agtcaagaaa	aataaaagccc	cattctccaa	2460	15
ctgcaaaatg	tgctttccca	taatgaacac	tagtcaccag	cacagaataa	tctccaacat	2520	
tttctaaatt	ctaattgcca	actgtttcta	tttatatttg	atttatattt	catttggagt	2580	
ctgttacatg	gcagcttagg	cagactagat	cttggttttt	ccaatgcagc	ataatgagta	2640	
tgatctattt	cttttcaaat	aatctttgag	atcccaggaa	aaaaaaaatg	ctctgctcca	2700	20
ttgagctata	atgtaaatgt	gtttgtttta	aaaacagggtg	aggcaagtga	gtgattttatt	2760	
gttcctgagg	aagtatatct	gatttttttt	ctcactactcc	aaaagctagt	ccctactcct	2820	
taataaaaaa	aatgggtaac	tttttgtttt	tcactagcga	acttccatga	catttccttt	2880	
ctatgtagtg	tgattaatgc	aatacataat	atagttatct	atacacagtg	taagatttaa	2940	
caaactgaaa	tgatccacct	catatgtgag	tccgtccaaa	agatgttact	gctctgggtg	3000	25
ggccagtgtt	ctatateggt	tatactaact	ttcattttaa	gtattttattc	taaaatgcct	3060	
ctgagaaaaca	gtaaaaaata	aaaacaacaa	gttgtctaaa	atgcaacagc	ttttatagta	3120	
aatgtacatt	tataaataaa	atactcaaat	caaaaaaaa			3159	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 876 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16

aataatttga	tgcatctgga	attttatattt	ctcatattgt	tgtagatttt	aacattgtat	60
ttttttcttt	tttcttcctt	ccctgctgcc	tctctcctct	caacagtcct	ggtacctggg	120
ctagcttggg	tcctttccaa	gtgtcaaaata	ggacacccat	cttaccggcc	aatgtccaaa	180

```

attacggttt gaacataatt ggagaacctt tccttcaagc agaaacaagc aactgagggg 240
aaaagaaaca caacaatagt ttaagaaatt ttttttttaa ataaaaaaaa ggaaaagagg 300
aagactggac aaaacaacac aaaggcagaa aggaagaaa ctgaagaaag aagataatag 360
5 accagcaatt gcagcactta caatcactaa ttcccttaag gttgaaactg taatgacata 420
aaaagggtcg atgatatttc actgatggta gatcgagcc cctgcaacgt agcctttgtt 480
acatgaagtc cgctgggaaa tagatgttct gtctctatga caatatattt taactgactt 540
tctagatgcc ttaatatattg catgataagc tagttttatt ggttttagtat tcttggtgtt 600
10 tacgcatgga atcactattc ctggttatct caccaacgaa ggctaggagg cggcgtcaga 660
ggtgctgggt gacagagcca tgagccagcc attttataag cactctgatt tctaaaagtt 720
aaaaaaaaata tatgaaatct ctgtagcctt tagttatcag tacagattta ttaaatctcg 780
gcccttaacc cagccttttc cagtgtgtaa cccagtttga aatcttaaaa aaagaaaaaa 840
tgaaaaaaa aggaaaaaa gaaaaaagga aaaaaacagt ttgaacacaa aggctctatg 900
15 gaagaaatgc ctctatgtag gtgaagtgtt ctctctgcat gcaacagtaa aaattaatat 960
aatattttcc ccacaaaaga aacacttaac agaggcaagt gcaatttata aatttatatc 1020
taaaggggaa tcatgattat aagtccttca gcccttggac tctaaattga ggggattaaa 1080
aagaatttaa aataattttg aacgaattta tttcccctc agtttttgag ggcattaaaa 1140
20 aggcatataa tcaagacaaa tcatgtgctt gagaaaaata aaattaatga aaacacagca 1200
cttatgttgg tttagctgca gccctcttgg aggtagaatt tattttattt aaattactgg 1260
ttgcatcaag aacccatagg gtgtacaaaa ggttctataa aatctgcatt atagagacaa 1320
agaggcaggc aaatccatgt cacaagggtg aagcttacag tttaaaaact gggaacgcca 1380
gggtgtagga tataaaaacg cactcttgag aaaacaaatg taatcagggt gctgaaaact 1440
25 tgcattgtgc tttcagacat tagccttgtt caacaaattt cttgtattga cagatccata 1500
gtgtgcatgg gcagacacat tttgcctcta tgtctcttaa aatttttaatt aaaaatactc 1560
tttccagtaa tcctaatttg cacgaagata taatgtccac attacgtgcc ttgccttgaa 1620
atctaaaaaa caaaaaacaa aaaagaaaag gaacaaaaaa atacaacaaa gtgacatcac 1680

```

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1722 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

```

cattgtttgc caaaatccca ggcagcatgg acctcagtct tctctgggta cttctgcccc 60
65 tagtcaccat ggcctggggc cagtatggcg attatggata cccataccag cagtatcatg 120
actacagcga tgatgggtgg gtgaatttga accggcaagg cttcagctac cagtgtcccc 180
aggggcagggt gatagtggcc gtgaggagca tcttcagcaa gaaggaagggt tctgacagac 240
aatggaacta cgcctgcatg cccacgccac agagcctcgg ggaacccacg gagtgtctgg 300

```

DE 198 13 835 A 1

gggaggagat	caacagggct	ggcatggaat	ggtaccagac	gtgctccaac	aatgggctgg	360	
tggcaggatt	ccagagccgc	tacttcgagt	cagtgtctga	tcgggagtgg	cagttttact	420	
gttgtcgcta	cagcaagagg	tgcccatatt	cctgtctggc	aacaacagaa	tatccaggctc	480	
actatgggtga	ggaaatggac	atgatttcct	acaattatga	ttactatatc	cgaggagcaa	540	5
caaccacttt	ctctgcagt	gaaagggatc	gccagtggaa	gttcataatg	tgccggatga	600	
ctgaatacga	ctgtgaattt	gcaaattgtt	agatttgcca	cataccaaat	ctgggtgaaa	660	
ggaaaggggc	cggggacagg	agggtgtcca	catatgttaa	catcagttgg	atctcctata	720	
gaagtttctg	ctgctctctt	tccttctccc	tgagctggta	actgcaatgc	caacttcctg	780	
ggcctttctg	actagtatca	cacttcta	aaaatccaca	attaaacat	gtttctcact	840	10
tttcacatgt	ttcatagcaa	ctgctttata	tgactgatga	tggttcctt	gcacaccaca	900	
tatacagtgc	gcatgcttac	agccgggctt	ctggagcacc	agctgcagcc	tggtactctg	960	
tttttactgc	agaatgaact	gcaagttcag	catagtggag	gggagaggca	gaactggagg	1020	
agaggtgcag	tgaaggttct	ctacagctaa	gcctgtttga	atgatacgta	ggttccccac	1080	15
caaaagcagg	ctttctgcc	tgaggacat	cttccactc	ccctgctcca	catgagccat	1140	
gcatgcttag	caatccaagt	gcagagctct	ttgctccagg	agtgaggaga	ctgggagggtg	1200	
aatgggggaa	atggaaggg	ttggaggcag	agctgaaac	agggttggaa	ggatttcctg	1260	
aattagaaga	caaacgttag	catacccagt	aaggaaaatg	agtgcagggg	ccagggggaa	1320	
ccgtgaggat	cactctcaaa	tgagattaaa	aacaaggaag	cagagaatgg	tcagagaatg	1380	20
ggattcagat	tggaacttg	tgggatgag	agtgaccagg	ttgaactggg	aagtggaaaa	1440	
aggagtgtga	gtcactggca	cctagaagcc	tgcccacgat	tcctaggaag	gctggcagac	1500	
accctggaac	cctggggagc	tactggcaaa	ctctcctgga	ttgggcctga	tttttttggg	1560	
gggaaaggct	gccctgggga	tcaactttcc	ttctgtgtgt	ggctcaggag	ttcttctgca	1620	25
gagatggcgc	tatctttcct	cctcctgtga	tgtcctgctc	ccaaccattt	gtactcttca	1680	
ttacaaaaga	aataaaaata	ttaacgttca	ctatgctgaa	aa		1722	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1612 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

ggccatggaa	attaaagttg	aaaaagactt	gaagactgga	gaaagtacag	ttctgtcttc	60	
aattacctct	gccatcagat	gactttaaag	gtacaggaat	aaaagtttat	gatgatgggc	120	65
aaaagtcagt	gtatgcagta	agttctaata	acagtgcagc	atacaatggc	accgatggcc	180	
tggcaccagt	tgaagtagag	gaacttctaa	gacaagcctc	agagagaaac	tctaaatccc	240	
caacagagta	tcatgagcct	gtatatgcca	atccctttta	caggcctaca	acccacaga	300	

DE 198 13 835 A 1

	gagaaacggt	gacccctgga	ccaaactttc	aagaaaggat	aaagattaaa	actaatggac	360
	tggttattgg	tgtaaatgaa	tccatacaca	atatgggcaa	tggtctttca	gaggaaaagg	420
	gaaacaactt	caatcacatc	agtcccatcc	cgccagtgcc	tcatccccga	tcagtgattc	480
5	aacaagcaga	agagaagcct	cacaccccg	aaaaaaggct	aatgactcct	tggaagaat	540
	cgaatgtcat	gcaggacaaa	gatgcaccct	ctccaaagcc	aaggctgagc	cccagagaga	600
	caatatttgg	gaaatctgaa	caccagaatt	ctcaccac	ttgtcaggag	gacgaggag	660
	atgicagata	taatatcggt	cattccctgc	ctccagacat	aaatgataca	gaaccggtga	720
10	caatgatttt	catgggggtat	cagcaggcag	aagacagtga	agaagataag	aagtttctga	780
	caggatatga	tggtatcatc	catgctgagc	tggttgtgat	tgatgatgag	gaggaggagg	840
	atgaaggaga	agcagagaaa	ccgtcctacc	accccatagc	tccccatagt	caggtgtacc	900
	agccagccaa	accaacacca	cttcctagaa	aaagatcaga	agctagtcct	catgaaaaa	960
	caaatcataa	atccccccac	aaaaattcca	tatctctgaa	agagcaagaa	gaaagcttag	1020
15	gcagccctgt	ccaccattcc	ccatttgatg	ctcagacaac	tgagatggg	actgaggatc	1080
	catccttaac	agctttaagg	atgagaatgg	caaagctggg	aaaaaagggtg	atctaagagt	1140
	tgtaccacct	atataaacat	cctttgaaga	agaaactaag	aagcatttgc	aaatttctct	1200
	tctggatatt	ttgtttattt	tttctgaagt	ccaaaaaatt	atcattacag	tgtaccatat	1260
20	taagccatgt	gaataagtag	tagtcattat	ttgtgaaaaa	ttcccaaaaa	gctggggaaa	1320
	acaaatgtgt	aacttttcca	gttacttgac	acgattcagt	gggggaaaac	cagcattttt	1380
	tattctattg	ataccaaacg	atttctaata	agagcttggt	aaatttaaga	ataaagttat	1440
	ttaaaatata	aagagtatag	tatatctaact	ggcattgtaa	ttttgatgat	acaaagattg	1500
	aaagatcata	ggaaagcatt	gcccttcac	acagaagtat	tcaactctga	caaataaata	1560
25	tgtcatcctg	aattaaaaat	gccttaataa	aagtacatcc	tctgtctaaa	aa	1612

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 387 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - 35 (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
- 40 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - 50 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- 55 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20

60	ggggttttcac	cccacattcg	tcaggttggg	ttcaaactcc	ctgacctttg	tgatcccacc	60
	ccgcctcggc	ctccccaag	tgcttggg	taccaggcat	gagcccatca	caccctggc	120
	aactttcttt	tgattagtgt	ttttgtgga	tatctttttc	catcatgtta	ctttaaatat	180
	atctatatta	ttgtatttaa	aatgtgtttc	ttacagactg	catgtagtgt	ggtataattt	240
65	ttatccagtc	taaaaatatc	tgtcttttaa	ttggtgttta	gacaatttat	atttaataaa	300
	attgttgaat	ttaagatgga	tgacgggtat	tggtggcggt	tcaccacttc	tgtttattct	360
	cttccagaat	tctttggatt	gttaaat				387

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1304 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

agaagttccc	aggcatacgg	ccttacctgg	ctacactggc	aggcaacttc	cgaatgcctg	60	35
tggttgaggga	gtacctgatg	tctggaggta	tctgccctgt	cagccgggac	accatagact	120	
atttgctttc	aaagaatggg	agtggcaatg	ctatcatcat	cggtggtcggg	ggtgcgggctg	180	
agtctctgag	ctccatgcct	ggcaagaatg	cagtcaccct	gcggaaccgc	aagggccttg	240	
tgaaactggc	cctgcgtcat	ggagctgacc	tggttcccat	ctactccttt	ggagagaatg	300	
aagtgtacaa	gcaggtgatc	ttcgaggagg	gctcctgggg	ccgatgggtc	cagaagaagt	360	40
tccagaaata	cattggtttc	gccccatgca	tcttccatgg	tcgaggcctc	ttctcctccg	420	
acacctgggg	gctggtgccc	tactccaagc	ccatcaccac	tggtgtggga	gagcccatca	480	
ccatcccaa	gctggagcac	ccaaccagc	aagacatcga	cctgtaccac	accatgtaca	540	
tggaggccct	ggtgaagctc	ttcgacaagc	acaagaccaa	gttcggcctc	ccggagactg	600	45
aggtcctgga	ggtgaactga	gccagccttc	ggggccaatt	ccctggagga	accagctgca	660	
aatcactttt	ttgctctgta	aatttggaag	tgctatgggt	gtctgtgggt	tattttaaag	720	
aaattataac	aattttgcta	aaccattaca	atgttaggtc	ttttttaaga	aggaaaaagt	780	
cagtatttca	agttctttca	cttccagctt	gccctgttct	agggtggtgc	taaactctggg	840	
cctaactctg	gtggctcagc	taacctctct	tcttcccttc	ctgaagtgc	aaaggaaact	900	50
cagtcttctt	ggggaagaag	gattgccatt	agtgaacttg	accagttaga	tgattcactt	960	
tttgccccta	gggatgagag	gcgaaagcca	cttctcatac	aagccccttt	attgccacta	1020	
ccccacgctc	gtctagtcct	gaaactgcag	gaccagtttc	tctgccaagg	ggaggagttg	1080	
gagagcacag	ttgccccggt	gtgtgagggc	agtagtaggc	atctggaatg	ctccagtttg	1140	
atctcccttc	tgccaccctt	acctcaccct	tagtactca	tatcgagacc	tggactggcc	1200	55
tccaggatga	ggatgggggt	ggcaatgaca	gcctgcaggg	gaaagagctt	tcgcccgtgg	1260	
acgatttttag	gggggggttc	gccaccagtt	ggtgtggggg	gtta		1304	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1533 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

	gcgaggagct	ggcaccgcagc	cagggcctct	gctcaagaag	ccataccagc	caagaattaa	60
30	aatctctaaa	acatcagtg	atggtgatcc	ccactttgtt	gtggatttcc	ccctgagcag	120
	actcaccgtg	tgtttcaaca	ttgatgggca	gccccgggac	atcctcaggc	tggtctctga	180
	tcacagggac	tctggtgtca	cagtgaacgg	agagttaatt	ggggcaccgg	cccctccaaa	240
	tggccacaag	aaacagcgca	cttacttgcg	cactatcacc	atcctcatca	acaagccaga	300
	gagatcttat	ctcgagatca	caccgagcag	agtcattctg	gatggtgggg	acagactggg	360
35	gctcccctgc	aaccagagtg	tgggtggggg	gagctggggg	ctggagggtg	ccgtgtctgc	420
	caacgccaat	gtcaccgtca	ccatccaggg	ctccatagcc	tttgtcatcc	tcattccacct	480
	ctacaaaaag	ccggcgccct	tccagcgaca	ccactgggtt	ttctacattg	ccaacagcga	540
	gggcctttcc	agcaactgcc	acggactgct	gggtcagttc	ctgaatcagg	atgccagact	600
40	cacagaagac	cctgcagggc	ccagccagaa	cctcaccac	cctctgctcc	ttcagggtgg	660
	agaggggcct	gaggccgtcc	taacagtga	aggccacca	gtcccagtg	tctggaagca	720
	aaggaagatt	tacaacggg	aagagcagat	agactgctgg	tttgccagga	acaatgccgc	780
	caaactgatt	gacggggagt	acaaggatta	cctggcatcc	catccatttg	acacagggat	840
	gacacttggc	caggggaatg	ccaggagct	ctgaagctgg	cagccttaaa	gatgcaagt	900
45	catgaaggac	agtgatgtgg	ggaggccgtg	gggcagctct	tttcatggct	tgtacacgcc	960
	tcagtcctg	gcaattagct	ggactccaag	accacccct	ggtgcagcat	agatccgacg	1020
	tctgtctggg	cgaagggtag	gggtgggtag	gggcgggaag	cctgagtgca	aatgtcattt	1080
	ccctctactg	cctcttctg	cctctcccca	ccctgcccac	atccacagag	gggagagaag	1140
50	ggtcatagct	aatgcaaca	aagtctgtat	cttgtcccaa	cctgcttttc	tgttctgtta	1200
	gcataatcata	aagtaagcct	ttctggtgaa	ggaagggtgc	tatgaaactt	tttttcttgg	1260
	tggaaatggc	caagtttagg	cactctgctt	tttgccctac	actaatgctt	agaaagctgt	1320
	cttttcagtg	gtgttgacgc	ccccagatgt	gtggccaacc	tctgctgcaa	aggaatctct	1380
	tgctgagtc	aggccaccaa	tcaggcaaat	agcccataca	tttgatcggt	gtaaaccatg	1440
55	aagtcttttc	ttgcaagacg	tttttcttct	gctgtggtat	cttgccctta	aaaattagtt	1500
	ttcattaaaa	agaaatttga	ttgaaaataa	aaa			1533

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

65

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1304 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ES's durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

caagtgtgag ccaccacacc tggcctggaa ggaacctctt aaaatcagtt tacgtcttgt	60	
atthttgttct gtgatggagg acactggaga gagttgctat tccagtcaat catgtcgagt	120	25
cactggactc tgaaaatcct attggttcct ttatthttatt tgagtttaga gttcccttct	180	
gggtttgtat tatgtctggc aaatgacctg ggttatcact tttcctccag ggttagatca	240	
tagatcttgg aaactcctta gagagcattt tgctcctacc aaggatcaga tactggagcc	300	
ccacataata gatttcattt cactctagcc tacatagagc tttctgttgc tgtctcttgc	360	30
catgcacttg tgcggtgatt acacacttga cagtaccagg agacaaatga cttacagatc	420	
ccccgacatg cctcttcccc ttggcaagct cagttgccct gatagtagca tgtttctgtt	480	
tctgatgtac cttttttctc ttcttcttgg catcagccaa ttcccagaat ttccccaggc	540	
aattttaga ggaccttttt ggggtcctat atgagccatg tcctcaaagc ttttaaacct	600	35
ccttgctctc ctacaatatt cagtacatga ccactgtcat cctagaaggc ttctgaaaag	660	
aggggcaaga gccactctgc gccacaaagg ttgggtccat cttctctccg aggttgtaga	720	
agttttcaaa ttgtactaat aggtctgggc cctgacttgg ctgtgggctt tgggaggggt	780	
aagctgcttt ctatgctctc ccagtgagg catggagggt tttctgaatt ttgtctacct	840	
cacagggatg ttgtgaggct tgaaaaggtc aaaaaatgat ggccccttga gctctttgta	900	40
agaaaggtag atgaaatgc ggatgtaatc tgaaaaaag ataaaatgtg acttcccctg	960	
ctctgtgcag cagtcgggct ggatgctctg tggcctttct tgggtcctca tgccacccca	1020	
cagctccagg aaccttgaag ccaatctggg ggactttcag atgtttgaca aagaggtagc	1080	
aggcaaaactt cctgctacac atgccctgaa tgaaattgcta aatttcaaag gaaatggacc	1140	
ctgcttttaa ggatgtacaa aagtatgtct gcatcgatgt ctgtactgta aatttcta	1200	45
ttatcactgt acaaagaaaa ccccttgcta tttaattttg tattaagga aaataaagtt	1260	
ttgtttgtta aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaa	1304	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2403 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

15	gtccctggcg	ccctgccttt	agccgtgggg	ccccacctc	caccctctgg	gtttcctagg	60
	aatgtccagc	ctcggagacc	ttcacaaagc	cttgggaggg	tgatgagtgc	tggtcctgac	120
	aagaggccgc	tggggacact	gtgctgtttt	gtttcgtttc	tgtgatctcc	cggcacgttt	180
	ggagctggga	agaccacact	ggtggcagaa	tcctaaaatt	aaaggaggca	ggctcctagt	240
	tgctgaaagt	taaggaatgt	gtaaaacctc	cacgtgactg	tttgggtgcat	cttgacctgg	300
20	gaagacgcct	catgggaacg	aacttggaca	ggtgttgggt	tgaggcctct	tctgcaggaa	360
	gtccctgagc	tgagacgcaa	gttggctggg	tggccacac	cctggctctc	ctgcaggctc	420
	acacaccttc	caggcctgtg	gcctgcctcc	aaagatgtgc	aagggcaggc	tggctgcacg	480
	gggagaggga	agtattttgc	cgaaatatga	gaactggggc	ctcctgctcc	caggagctc	540
	cagggccctt	ctctcctccc	acctggactt	ggggggaact	gagaaacact	ttcctggagc	600
25	tgctggcttt	tgcacttttt	tgatggcaga	agtgtgacct	gagagtccca	ccttctcttc	660
	aggaacgtag	atgtcggggg	gtcttgccct	ggggggcttg	gaacctctga	aggtggggag	720
	cggaacacct	ggcatccttc	cccagcactt	gcattaccgt	ccctgctctt	cccagggtgg	780
	gacagtggcc	caagcaaggc	ctcactcgca	gccacttctt	caagagctgc	ctgcacactg	840
30	tcttgagca	tctgccttgt	gcctggcact	ctgcccgtgc	cttgggaagg	tcggaagagt	900
	ggactttgtc	ctggccttcc	cttcatggcg	tctatgacac	ttttgtggtg	atggaaagca	960
	tgggacctgt	cgtctcagcc	tgttggtttc	tcctcattgc	ctcaaaccct	ggggtagggtg	1020
	ggacgggggg	tctcgtgccc	agatgaaacc	atttgaaac	tcggcagcag	agtttgtcca	1080
35	aatgaccctt	ttcaggatgt	ctcaaagctt	gtgccaaagg	tcacttttct	ttcctgcctt	1140
	ctgctgtgag	ccctgagatc	ctcctcccag	ctcaagggac	aggctcctgg	tgaggggtgg	1200
	agatttagac	acctgaaact	gggcgtggag	agaagagccg	ttgctgtttg	ttttttggga	1260
	agagctttta	aagaatgcat	gtttttttcc	tggttggaat	tgagttagga	ctgaggctgt	1320
	gcttcaggta	tgttacaatc	aagtggggga	ttttcatgct	gaaccattca	agccctcccc	1380
40	gcccggtgca	cccactttgg	ctggcgtctg	ctggagagga	tgtctctgtc	cgcattcccc	1440
	tgcagctcca	ggctcgcgca	gttttctctc	tctccctgga	tgttgagtct	catcagaata	1500
	tgtgggtagg	gggtggacgt	gcacgggtgc	atgattgtgc	ttaaacttgg	tgtatttttc	1560
	gatttgacat	ggaaggcctg	ttgctttgct	cttgagaata	gtttctcgtg	tccccctcgc	1620
	aggcctcatt	ctttgaacat	caactctgaa	gtttgatata	gataggggct	tgatagctgt	1680
45	ggtccctctt	cccctctgac	tacctaaaat	caatacctaa	atacagaagc	cttgggtctaa	1740
	cacgggactt	ttagtttgcg	aagggcctag	atagggagag	aggtaacatg	aatctggaca	1800
	gggagggaga	tactatagaa	aggagaacac	tgcctacttt	gcaagccagt	gacctgcctt	1860
	ttgaggggac	attggacggg	ggccgggggc	gggggttggg	tttgagctac	agtcataaac	1920
50	ttttggcgct	tactgattcc	tccaactctc	cacccacaa	aataacgggg	accaatattt	1980
	ttaactttgc	ctattttgtt	ttgggtgagt	ttccccctc	cttattctgt	cctgagacca	2040
	cgggcaaagc	tcttcatttt	gagagagaag	aaaaactgtt	tggaaccaca	ccaatgatat	2100
	ttttctttgt	aatacttgaa	atttattttt	ttattatttt	gatagcagat	gtgctattta	2160
	tttatttaat	atgtataagg	agcctaaaca	atagaaagct	gtagagattg	ggtttcattg	2220
55	ttaattgggt	tgggagcctc	ctatgtgtga	cttatgactt	ctctgtgttc	tgtgtatttg	2280
	tctgaattaa	tgacctggga	tataaagcta	tgctagcttc	caaacaggag	atgcctttca	2340
	gaaatttgta	tattttgcag	ttgccagacc	aataaaatac	ctgggtgaaa	tacaaaaaaa	2400
	aaa						2403

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2517 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

25

cagagtga	aa	ccttgtgc	ct	ggtgaccaa	gtccctccaa	agtgtctctc	cttctggggt	60
attcaagcca	aataatctggg	tttccccctc	tcctcattcc	ctagcaaacc	ccaattatct			120
tccaagatag	gagatatttc	ccatccccct	cctttgtaaa	tatctcatct	ccactggag			180
agcccaggag	cctattctctg	gcatggatgt	tctgtccaca	cttgaggctg	ggcgggtgtat			240
cagacccttc	aagcagcctg	gctggggccc	aggactgagt	ctgggggtcag	ctttcacggg			300
cgcttttccc	ttcgtcacca	cccaccacag	cccaccttgc	atgcatggcc	agcccctcca			360
ctccagcctg	agccatgtgt	gcccctgcgg	gaggacccat	tcatgccaga	aagctggtaa			420
ctccctccca	gcattccctgc	ggaaggagtc	agtttctgag	agtgtgactt	ttcaaggcga			480
atgatgggga	agggttcccc	agtccccaca	gtggccccac	ctctgggccc	tgcaccagag			540
cccttctgtg	tcacggcggg	ctgtgcaccc	atgcacacac	ctacgcacac	acaacactcc			600
gcactgcagt	atattcttgc	caaagatttc	ctttaaaagc	aagcactttt	actaattatt			660
attttgtaaa	tgtttatctt	cttctgtctt	ctccctccct	gaatctatct	tactgttggt			720
tattgttgaa	tctgtgtgtc	agccaggaga	gcgtgtgtct	gccttgaaca	tgggctggga			780
tgggaaaggg	tctgggagaa	gatgggcaac	aaagagccag	ggagtcatgg	acatcgagc			840
gacgcagacc	ccagcagggt	cagtcccctg	ctgccaccag	ctgtccagct	gggtgtctgg			900
aggggaagag	gcagaggagg	gtcatgtccc	ttcagctggg	ggagggggccc	agtgaactcc			960
acgtggcttt	ttcccaaagg	gagcaagagg	gaaggattgg	gcgagaaaac	aatggagagg			1020
ggactgtcga	aggaaaacag	ggaggaagtg	agcggtttga	tcagcctgct	atcacgggtg			1080
tctggctctc	ttatttagcc	aggcgcttaa	gggacagata	catcacatcc	taagtgtggg			1140
aaaggccttt	gacccatgtc	atctgagcgt	ctcctccagt	agctctgaaa	gctgtggaca			1200
ccaatggcca	ggattccttc	tcccctgggt	tttgaggatc	cctgggtctt	ctgagactgg			1260
ccaggagagg	gatgggtggg	ccagtgggtg	tgtgaaagca	ggaggggcag	ccctcctgga			1320
caagtgtgat	ccccctataa	acggctctca	ggagggttag	gagtaggaga	ttctgccttg			1380
ttctgatgag	cctgtgcagg	ggctccaggg	gagcatgctg	tccagggggc	acagaagggt			1440
ggtgagtgtg	atcaaatcta	gtctcactcc	cactttttag	tctcactcct	acttttgtcc			1500
accacccctg	cctcctggat	cttctcccac	tttttttttc	agcttttagga	cctggggaga			1560
tcctgtgagt	caaggcagac	acccaatcct	gccccacac	tcggggctct	ccaagagggt			1620
ggggggcaga	gtcccagagc	agccctttac	cccagggtcca	ggccctggaa	tcctgagact			1680
cgcgtttcct	tggccagtgg	taacacagga	cgtgtgtgcg	catgtgcaag	tgtggatgta			1740
tgtgtgtgcg	tgtgttttgc	tcatttcttt	agggaacttg	ggagtccggg	ttggagggtgc			1800
tgggcaatgg	aacttcaa	at	gc	gc	gc			1860
ctgtaggcca	accaattggg	ggagtctcag	cgataccag	gtgagaagt	gttcacccag			1920
aggggcaggg	tgggggcctc	gggcagatct	gtccctcttg	gcccctctgt	cctcaaatgt			1980
ccaaaatggt	ggaggacctc	tgttcata	tc	gc	gc			2040
tactgtagag	ggatgtccca	agcttgtttt	ccaatcagt	ttaagctgtt	tgaactctc			2100
ctgtgtctgt	gttttgtttg	tgcgtgtgtg	tgagagcaca	tcagtgtgtg	caggctgtgt			2160
ttccccat	ctctcctccc	ttcagaccca	tcattgagaa	caaatgtaag	aaatcccttc			2220
ccaccaccct	ccctgcctcc	caggccctct	gcgggggaaa	caagatcacc	cagcatcctt			2280
ccccacccca	gctgtgtatt	tatatagatg	gaaatatact	ttatattttg	tatcatcgtg			2340
cctatagccg	ctgccaccgt	gtataaatcc	tgggtgtatg	tccttatcct	ggacatgaat			2400

gtattgtaca ctgacgcgtc cccactcctg tacagctgct ttgtttcttt gcaatgcatt 2460
gtatggcttt ataaatgata aagttaaaga aaactcaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 2517

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 1668 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRang: einzel
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

gtatgccctc agaatcacga caactgttgc atgtaacatg gatctgtcta aataccccat 60
40 ggacacacag acatgcaagt tgcagctgga aactggggct atgatggaaa tgatgtggag 120
ttcacctggc tgagagggaa cgactctgtg cgtggactgg aacacctgcg gcttgctcag 180
tacaccatag agcgggtatt caccttagtc accagatcgc agcaggagac aggaaattac 240
actagattgg tcttacagtt tgagcttcgg aggaatgttc tgtatttcat ttggaaacc 300
45 tacgttcctt ccactttcct ggtggtgttg tcttgggttt cattttggat ctctctcgat 360
tcagtcctcg caagaacctg cattggggac aacaaaggaa gtagaagaag tcagtattac 420
taatatcatc aacagctcca tctccagctt taaacggaag atcagctttg ccagcattga 480
aatttccagc gacaacgttg actacagtga cttgacaatg aaaaccagcg acaagttcaa 540
gtttgtcttc cgagaaaaga tgggcaggat tggtgattat ttcacaattc aaaaccaccag 600
50 taatgttgat cactattcca aactactgtt tcctttgatt tttatgctag ccaatgtatt 660
ttactgggca tactacatgt atttttgagt caatgttaaa tttcttgcag gccataggtc 720
ttcaacagga caagataatg atgtaaatgg tatttttaggc caagtgtgca cccacatcca 780
atggtgctac aagtactga aataatattt gagtctttct gctcaaagaa tgaagctcca 840
accattgttc taagctgtgt agaagtccta gcattatagg atcttgtaat agaaacatca 900
55 gtccattcct ctttcatctt aatcaaggac attcccatgg agcccaagat tacaagtgtg 960
ctcagggtcg tttattcggg ggtccctgg tttgcattta cctcatataa agaatgggaa 1020
ggagaccatt gggtaacctt caagtgtcag aagtgtttc taaagtaact atacatgttt 1080
ttactaaaat ctctgcagtg cttataaaat acattgttgc ctatttaggg agtaacattt 1140
60 tctagttttt gtttctggtt aaaatgaaat atgggcttat gtcaattcat tggaagtcaa 1200
tgcactaact caataccaag atgagttttt aaataatgaa tattatttat tcccacaaca 1260
gaattatccc caatttccaa taagtcctat cattgaaaat tcaaatataa gtgaagaaaa 1320
aattagtaga tcaacaatct aaacaaatcc ctcggttcta agatacaatg gattcccat 1380
actggaagga ctctgaggct ttattccccc actatgcata tcttatcatt ttattattat 1440
65 acacacatcc atcctaaact atactaaagc ctttttccca tgcatggatg gaaatgggag 1500
attttttttt aacttgttct agaagtctta atatgggctg ttgccatgaa ggcttgca 1560
attgagtcca ttttctagct gcctttatc acatagtgtg ggggtactaa aagtactggg 1620
ttgactcaga gagtgcgtgt ccagtctgtc attgctgcta ctctaaca 1668

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1416 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27

tttttaaaaca	aatagtttta	ttaccaaatt	tgaattctaa	ggaattacac	atttaaagaa	60	35
ataacataaa	aaggccctac	tagtctaaaa	aagtttttga	gacttttttag	tgaaatgtca	120	
tttcaggcct	agtgggtccga	atctgcccc	cctgcgggtc	catgcgatgc	cctgctgagg	180	
tctgtgaaca	cagctcatga	gaaaccacgg	aaatggcccg	aatgtgctta	cgtgtgaaaa	240	
tactgatact	gtgattcaac	agagctgttt	ttcaagccag	gatgcagaat	gaggaatact	300	
aatgaaatga	cggcctttta	ggttggttgc	tttgaagtca	agtcattcag	tttgtgatta	360	40
gtgttttaaaa	ccctgaaaat	atttaataca	gaataaaaac	aataagctca	aagtacatgt	420	
ttcactataa	tagacaccat	attcatgaac	ctgggttttg	ttttggcaac	acataatfff	480	
tggttttagaa	gtgaacaatg	aaaacggatg	tttcacattc	aatacctag	tctttaaaaa	540	
cctatgttaa	aggacagcac	agtctttcaa	aggaagaaaa	ctatgtaagc	tttatttttaa	600	45
cagtggaaat	taaaactaac	cttgatctgc	ctaattgtct	acatctatat	atatatatta	660	
gtaattttata	tagatgtcag	caattaggca	gatcaagggt	tagtttaact	tccactgtta	720	
aaataaagct	tacatagttt	tcttcctttg	aaagactgtg	ctgtccttta	acatagggtt	780	
ttaaagacta	ggatattgaa	tgtgaaacat	ccgttttcat	tgttcacttc	taaaccaaaa	840	
attatgtgtt	gccaaaacca	aaccacaggt	catgaatatg	gtgtctatta	tagtgaaaca	900	50
tgtaactttga	gcttattgtt	tttattctgt	attaaatatt	ttcagggttt	taaactacta	960	
tcacaaactg	aatgacttga	cttcaaaaagc	aacaacctta	aaggccgtca	tttcattagt	1020	
attcctcatt	ctgcatcctg	gcttgaaaaa	cagctctgtt	gaatcacagt	atcagtattt	1080	
tcacacgtaa	gcacattcgg	gccattttccg	tggtttctca	tgagctgtgt	tcacagacct	1140	
cagcagggca	tcgcatggac	cgcaggaggg	cagattcggg	ccactaggcc	tgaaatgaca	1200	55
tttcactaaa	agtctccaaa	acatttctaa	gactactaag	gccttttatg	taatttcttt	1260	
aaatgtgtat	ttcttaagaa	ttcaaatttg	taataaaaact	atttgtataa	aaattaagct	1320	
tttattaatt	tggttgctagt	attgccacag	acgcattaaa	agaaacttac	tgcaacaagct	1380	
gctaataaat	ttgtaagctt	tgcatacctt	aaaaaa			1416	60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1768 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

30	ctccgaggcc	aggaacgctc	cgtctggaac	ggcgcagact	tttgccatgg	gcttcatgac	60
	gggcaccatt	tccagtatgt	accaaacc	agccgtcatc	attgcaatga	tcatcactgc	120
	ggtggtatcc	atttcagtca	ccatcttctg	ctttcagacc	aagggtggact	tcacctcgtg	180
	cacaggcctc	ttctgtgtcc	tgggaattgt	gctcctgggtg	actgggattg	tcactagcat	240
35	tgtgctctac	ttccaatacg	tttactggct	ccacatgctc	tatgctgctc	tgggggccat	300
	ttgtttcacc	ctgttcctgg	cttacgacac	acagctgggtc	ctggggaacc	ggaagcacac	360
	catcagcccc	gaggactaca	tcactggcgc	cctgcagatt	tacacagaca	tcatctacat	420
	cttcaccttt	gtgctgcagc	tgatggggga	tcgcaattaa	ggagcaagcc	cccattttca	480
40	cccgatcctg	ggctctccct	tccaagctag	agggtctggc	cctatgactg	tgggtctgggc	540
	tttaggcccc	tttccctccc	cttgagtaac	atgccagtt	tcctttctgt	cctggagaca	600
	ggtggcctct	ctggctatgg	atgtgtgggt	acttgggtggg	gacggaggag	ctagggacta	660
	actgttgctc	ttggtgggct	tggcagggac	taggctgaag	atgtgtcttc	tccccgccac	720
	ctactgtatg	acaccacatt	cttcctaaca	gctgggggtt	tgaggaatat	gaaaagagcc	780
45	tattcgatag	ctagaaggga	atatgaaagg	tagaagtga	ttcaagggtca	cgagggtccc	840
	ctcccacctc	tgtcacaggc	ttcttgacta	cgtagttgga	gctatttctt	ccccagcaa	900
	agccagagag	ctttgtcccc	ggcctcctgg	acacataggc	cattatcctg	tattcctttg	960
	gcttggcatc	tttttagctca	ggaaggtaga	agagatctgt	gcccattgggt	ctccttgctt	1020
50	caatcccttc	ttgtttcagt	gacatatgta	ttgtttatct	gggttaggga	tgggggacag	1080
	ataatagaac	gagcaaagta	acctatacag	gccagcatgg	aacagcatct	ccctctgggt	1140
	tgtcctctggc	ttgtgacgct	ataagacaga	gcaggccaca	tgtggccatc	tgctccccat	1200
	tcttgaaagc	tgctggggcc	tccttgacag	cttctggatc	tctggtcaga	gtgaactctt	1260
	gcttcctgta	ttcaggcagc	tcagagcaga	aagtaagggg	cagagtcata	cgtgtggcca	1320
55	ggaagtagcc	aggggtgaaga	gagactcggt	gcgggcaggg	agaatgcctg	ggggtcctc	1380
	acctggctag	ggagataccg	aagcctactg	tggtagtgaa	gacttctggg	ttctttcctt	1440
	ctgctaacc	agggagggtc	ctaagaggaa	ggtgacttct	ctctgtttgt	cttaagttgc	1500
	actgggggat	ttctgacttg	aggccatct	ctccagccag	ccactgcctt	ctttgtaata	1560
	ttaagtgcct	tgagctggaa	tggggaagg	ggacaagggt	cagtctgtcg	ggtgggggca	1620
60	gaaatcaaat	cagcccaagg	atatagttag	gattaattac	ttaatagaga	aatcctaact	1680
	atatcacaca	aagggatata	actataaatg	taataaaatt	tatgtctaga	agttaaaaaa	1740
	aaaaaaaaa	gtaaaattaa	tttgtgtt				1768

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:	
(A) LÄNGE: 2273 Basenpaare	
(B) TYP: Nukleinsäure	5
(C) STrang: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA	10
(iii) HYPOTHETISCH: NEIN	15
(iii) ANTI-SENSE: NEIN	
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	20
(C) ORGAN:	
(vii) SONSTIGE HERKUNFT:	
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library	25
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29	30
ccaggagaca ccttcggccc agatggaagg cttcctcaat cgaaacacg agtgggagggc 60	
ccacaataag aaagcctcaa gcaggctctg gcacaatgtt tattgtgtca taaataacca 120	
agaaatgggt ttctacaaag atgcaaagac tgctgcttct ggaattccct accacagcga 180	
ggctccctgtg agtttgaaag aagctgtctg cgaagtggcc cttgattaca aaaagaagaa 240	35
acacgtattc aagctaagac taaatgatgg caatgagtac ctcttccaag ccaaagacaa 300	
agagaagcgg ttacgccttt ttggcaaaaa gaaatgaact cctttccttc acctcctgcc 360	
cttctcttac cttttcagtc aaactccagc acgcaagctc attgacacaa gaacacagat 420	
tcttgccgct tcctatgaac tgcacaagtt ttaccacgat gccaaaggaga tcitttggggc 480	
tatacaggac aaacacaaga aactccctga ggagcttggg agagatcaga acacagtggg 540	40
gaccttacag agaatgcaca ctacatttga gcatgacatc caggctcttg gcacacaggt 600	
gaggcagctg caggaggatg cagcccgctt ccaggcgggc tatgcggggtg acaaggccga 660	
cgatatccag aagcgcgaga acgaggtcct ggaagccttg aagtcctcc tggacgcctg 720	
tgagagccgc aggtgctggc tggtgacac aggggacaag ttccgcttct tcagcatggg 780	45
gcgcgacctc atgctctgga tggaggatgt catccggcag atcaggggcc aggagaagcc 840	
aagggatgta tcatctgttg aactcttaat gaataatcat caaggcatca aagctgaaat 900	
tgatgcacgt aatgacagtt tcacaacctg cattgaactt gggaaatccc tgttggcgag 960	
aaaacactat gcatctgagg agatcaagga aaaattactg cagttgacgg aaaagaggaa 1020	
agaaatgac gacaagtggg aagaccgatg ggaatggtta agactgattc tggaggtcca 1080	50
tcagttctca agagacgcca gtgtggccga ggctggctg cttggacagg agccgtacct 1140	
atccagccga gagataggcc agagcgtgga cgaggtggag aagctcatca agcgcacga 1200	
ggcatttgaa aagtctgcag caacctggga tgagaggttc tctgccctgg aaaggctgac 1260	
tacattggag ttactggaag tgcgcagaca gcaagaggaa gaggagagga agaggcgggc 1320	
gccttctccc gagccgagca cgaaggtttc agaggaagcc gagtcccagc agcagtggga 1380	55
tacttcaaaa ggagaacaag tttcccaaaa cggtttgcca gctgaacagg gatctccacg 1440	
gatggcagaa acggtggaca caagcgaaat ggtcaacggc gctacagaac aaaggacgag 1500	
ctctaaagag tccagcccca tcccctcccc gacctctgat cgtaaagcca agactgccct 1560	
cccagcccag agtgccgcca ccttaccagc cagaacctag gagacacctt cggcccagat 1620	60
ggaaaggcttc ctcaatcgga aacacgagtg gaaggccac aataagaaaag cctcaagcag 1680	
gtcctggcac aatgtttatt gtgtcataaa aaaccaagaa atgggtttct acaaagatgc 1740	
aaagactgct gcttctggaa ttccctacca cagcgaggtc cctgtgagtt tgaaagaagc 1800	
tgtctgcgaa gtggcccttg attacaaaaa gaagaaacac gtattcaagc taagactaaa 1860	
tgatggcaat gagtacctct tccaagccaa agacgatgag gaaatgaaca catggatcca 1920	65
ggctatctct tccgccatct cctctgataa acacgagggt tctgccagca cccagagcac 1980	
gccagcatcc agccgcgcgc agaccctccc caccagcgtc gtcaccatca ccagcgagtc 2040	
cagtcccggc aagcgggaaa aggacaaaaga gaaagacaaa gagaagcggg tcagcctttt 2100	

DE 198 13 835 A 1

```

tggcaaaaag aaatgaactc ctttccttca cccctgccc ttctcttacc ttttcagtga 2160
aattccagca tgcaagctca gaaccaaac attactctct gtgcctaatag ttctcctaag 2220
tgggttgattt tttttttttt ttaatttata gagcatttcg gggggggtgg gggaaacaca 2280
5 cctaaacact ttatctccaa gttacaaaag tttagagggtgc agagggaagg ccagattttt 2340
tttttaataa aattatatag attagatctc agtattttaa ctgttctcctca attttgtgag 2400
gctgtgttggt aaataaaccg cctctagtgc tgttggtatg caaggcagcg gtgcttaate 2460
aatatttcct gtgctcacca gaggcaaat gtaccaatat cctgacacca ttctctctcc 2520
atttacttct ggtggttacc ctgactcttg actcttagaa gtgcccagaga tggggctaac 2580
10 ctttattaaa cagatcgcat attatgatct tgctgcagcc acagtgcagc tccacattaa 2640
ctctacagac caaaccattt gtatctggca tcacttacta acacacgaca tgcggctttt 2700
ctgcatcaac tgctatgacg gtttaagaatg tcagtataca agaaggaata gaaaactgat 2760
actgttttaa ataactctgta atttcaattt tttttttttt gctgaaatac atttatattgt 2820
15 acgtttgaga taattctagt acaaagtata ataaaactag atgtataata aaccctttta 2880
atcattggta agtgtagaag tggtggaact gaagcattta ctggacaaag taatgttact 2940
ctaattggtta cttgctcgtg cgttgccaca ctgtgttata atttgcttca tttccttgct 3000
atttgataca tagtgtgcat ttctctgtca ctgtaactat tgtaatgaca aattttcatc 3060
ttactgcaca atcaaaatga cattgatagg aatgaactcc agaggctggg cctgaacagg 3120
20 gaggtggtcg ctcaggcctg gtgctcagtc gtacgacctg tacctctcaa cttttgccct 3180
atctgtttaa tatatgctat gtcattaaat gctttttaa ctaaaaaaa aaaaagtgtg 3240
tgttcttcct ctgctgcgtg tgcatgccc tgagggaac tgcaaaggg agaaatgaca 3300
aacaagaaac attttacaac cagtctgggc tcacttttgc attttttatg catgtctggt 3360
25 gcacaagctt tgaaaactac agcaaacagt aataaatgtg actgttttgt agttataaga 3420
gagaaaaaaa agaaaaaaga ggaaaaaaa agaaagaaa aagaagagga ggagagaac 3479

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35

(A) LÄNGE: 933 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

65

```

gctcctccct tccttctttt tacattttag tcttagcatt tactttcccc accccacatt 60
cttggaaacag cctttagttc tacaggaaat ggcactgatg gacagaagac tagcattacc 120
ttcatgaaag ggctgttaga gctgcctggg aagaaggcgt gccttgggga actgggaaga 180
tgccgtcagt gtgggtgggc aggaggacag ccagtcgtcc tgctgccagc ccaatagctt 240
ccagcggcag gtgccagggt gctaccggag cccctcatag gggtaggggc agggactgca 300
cctcctccag gcactcatcg taagcctcct ggtactctc atggggcctt accattatca 360
cacagggtgg gcgcttggga cctgcggctg caccagggtc cgttcagagg ggaagaagt 420

```


DE 198 13 835 A 1

gctgttttga	aaaaagctgt	acaacctgta	tgccaggaag	tcaccaactg	atgacccacc	480	
agcctaatact	ggcccacaaac	catgttctgt	tcgggccatg	ttctatttaa	aagcatcttg	540	
aattgggttc	catcatttaa	actcaatcag	actttgaagg	catgggtccag	ccacacaggg	600	
cctacattcc	cacatggcaa	ctatgaaagg	gctccagccc	agcaggggct	gtccccgtcc	660	5
ctgccacccc	cacttcctgt	gcctcagatc	tggccctgt	tacgtaagat	aaggacagct	720	
acaggtccct	ctgagcctaa	acccacctaa	ccggactaac	atgggtgaag	atcttagctt	780	
acaaagctct	ttcacatata	tctatctctt	tattctcata	gtccacagat	aactgactat	840	
ttggttctta	ccatcaggcc	aaacggtaag	ttccttcaga	acagggcctc	ctgctttatc	900	10
ccaagaagtg	ataatgtagg	tacccaagat	cca			933	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2783 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

gactttaaaa	aaattttttac	agttattttt	atgtttaga	atgagctgaa	agccagtgg	60	
ggcgaaatca	aaattcataa	aatggagcaa	aaggagaatg	tgcccccagg	tcctgaggtc	120	
tgcatcacc	atcaggaagg	ggaaaagatt	tctgcaaatg	agaatagcct	ggcagtcctg	180	50
tccaccctg	ccgaagatga	ctcccgtag	tccaggtta	agagtgggt	tcaacagcct	240	
gtccatccca	agccactaag	tccagattcc	agagcctcca	gtctttctga	aagttctcct	300	
cccaaagcaa	tgaagaagtt	tcaggcacct	gcaagagaga	cctgcgtgga	atgtcagaag	360	
acagtctatc	caatggagcg	tctcttgcc	aaccagcagg	tgtttcacat	cagctgcttc	420	
cgttgctcct	attgcaacaa	caaactcagt	ctaggaacat	atgcatcttt	acatggaaga	480	55
atctattgta	agcctcactt	caatcaactc	tttaaactta	agggcaacta	tgatgaaggc	540	
tttgggcaca	gaccacacaa	ggatctatgg	gcaagcaaaa	atgaaaacga	agagattttg	600	
gagagaccag	cccagcttgc	aaatgcaagg	gagaccctc	acagcccagg	ggtagaagat	660	
gcccctattg	ctaagggggg	tgtcctggct	gcaagtatgg	aagccaaggc	ctcctctcag	720	60
caggagaagg	aagacaagcc	agctgaaacc	aagaagctga	ggatcgctg	gccaccccc	780	
actgaacttg	gaagttcagg	aagtgccttg	gaggaaggga	tcaaaatgtc	aaagcccaaa	840	
tggcctcctg	aagacgaaat	cagcaagccc	gaagttcctg	aggatgtcga	tctagatctg	900	
aagaagctaa	gacgatcttc	ttcactgaag	gaaagaagcc	gcccattcac	tgtagcagct	960	
tcatttcaaa	gcacctctgt	caagagccca	aaaactgtgt	ccccacctat	caggaaaggc	1020	65
tggagcatgt	cagagcagag	tgaagagtct	gtgggtggaa	gagttgcaga	aaggaaacaa	1080	
gtggaaaaatg	ccaaggcttc	taagaagaat	gggaatgtgg	gaaaaacaac	ctggcaaaac	1140	
aaagaatcta	aaggagagac	aggaagaga	agtaaggaag	gtcatagttt	ggagatggag	1200	

DE 198 13 835 A 1

```

aatgagaatc ttgtagaaaa tgggtgcagac tccgatgaag atgataacag cttcctcaaa 1260
caacaatctc cacaagaacc caagtctctg aattggtcga gttttgtaga caacaccttt 1320
gctgaagaat tcactactca gaatcagaaa tcccaggatg tggaactctg ggagggagaa 1380
5 gtggtcaaag agctctctgt ggaagaacag ataaagagaa atcgggtatta tgatgaggat 1440
gaggatgaag agtgacaaat tgcaatgatg ctgggcctta aattcatgtt agtggttagcg 1500
agccactgcc ctttgtcaaa atgtgatgca cataagcagg tatcccagca tgaaatgtaa 1560
tttacttgga agtaactttg gaaaagaatt ccttcttaaa atcaaaaaa aaacaaaaaa 1620
10 acacaaaaaa cacattctaa atactagaga taactttact taaattcttc attttagcag 1680
tgatgatatg cataagtgtc gtaaggcttg taactgggga aatattccac ctgataatag 1740
cccagattct actgtattcc caaaaggcaa tattaaggta gatagatgat tagtagtata 1800
ttgttacaca ctatttttga attagagaac atacagaagg aatttagggg cttaaacatt 1860
acgactgaat gcactttagt ataaagggca cagtttgtat atttttaaat gaataccaat 1920
15 ttaatttttt agtatttacc tgttaagaga ttatttagtc tttaaatttt ttaggttaat 1980
tttcttgctg tgatataat gaggaattta ctactttatg tcctgctctc taaactacat 2040
cctgaactcg acgtcctgag gtataatata acagagcact ttttgaggca attgaaaaac 2100
caacctacac tcttcgggtgc ttagagagat ctgctgtctc ccaaataagc ttttgtatct 2160
gccagtgaat ttactgtact ccaaatgatt gctttctttt ctggtgatag ctgtgcttct 2220
20 cataattact gaaagctgca atattttagt aataccttcg ggatcactgt ccccatctt 2280
ccgtgttaga gcaaagtga gagttttaaag gaggaagaag aaagaactgt cttacaccac 2340
ttgagctcag acctctaaac cctgtatttc ccttatgatg tccccttttt gagacactaa 2400
tttttaataa cttactagct ctgaaatata ttgattttta tcacagtatt ctcagggtga 2460
25 aattaaacca actataggcc ttttcttgg gatgattttc tagtcttaag gtttggggac 2520
attataaact tgagtacatt tgttgtagac agttgatatt ccaaattgta tggatgggag 2580
ggagaggtgt cttaagctgt aggcctttct ttgtactgca tttatagaga tttagcttta 2640
atatttttta gagatgtaaa acattctgct ttcttagtct tacctagtct gaaacatttt 2700
tattcaataa agattttta taaaatttga aaaaaaggga aaggggaggg ggggtggagg 2760
30 aaaaaaaaaa gggcgggcgc cgc 2783

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

- 35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 3411 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 40 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 45 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 55 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 60 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

```

65 gaagctctgt tgtctcgga acatgtcttg gaattggaga acagcaaggg cccagcctg 60
gcctctttag agggggaaga agataaggga aagagcagct catcccagggt ggtggggcca 120
gtgcaggagg aagagtatgt agcagagaag ttgccaagta ggttcacga gtcggctcac 180

```

acagagctgg	caaaggacga	tgcggcgcca	gcacccccag	tcgcagacgc	caaagcccag	240	
gatagaggtg	tcgaggagga	actgggcaat	gaggagagct	tggatagaaa	tgaggagggc	300	
ttggatagaa	atgaggagg	cttggataga	aatgaggaga	gcttggatag	aaatgaggag	360	
ggcttgata	gaaatgagga	gattaagcgg	gctgccttc	agataatctc	ccaagtgatc	420	5
tcagaagcaa	ccgaacaggt	gctggccacc	acggttggca	aggttgcagg	tcgtgtgtgt	480	
caggccagtc	agctccaagg	gcagaaggaa	gagagctgtg	tcccagttca	ccagaaaact	540	
gtcttgggcc	cagacactgc	ggacctgcca	cagcagaggc	agctgttgcc	ccgccggatg	600	
ctggcctccc	cttgccaggc	ctaccagcag	agggctcacc	accaccaaag	acctactgtg	660	10
gctgcctgaa	gagccttctg	tccagcccca	ccaaggacag	taagccaaat	atctctgcac	720	
accacatctc	cctggcctcc	tgcctggcac	tgaccacccc	cagtgaagag	ttgccggacc	780	
gggcaggcat	ccgtgtggaa	gatgccacct	gtgtcacctg	catgtcagac	agcagccaaa	840	
gtgtcccttt	ggtggtctt	ccaggacact	gctcagattc	tttcagcact	tcagggcttg	900	
aagactcttg	cacagagacc	agctcgagcc	ccagggacaa	ggccatcacc	ccgccactgc	960	15
cagaaagtac	tgtgcccttc	agcaatgggg	tgctgaagg	ggagtgtca	gacttggggg	1020	
ctgaggatgg	atggaccatg	gatgcggaag	cagatcattc	aggaggttct	gacaggaaca	1080	
gcattggatc	cgtggatagc	tgttcagctc	tcaagaagac	tgagagcttc	caaaatgccc	1140	
aggcaggctc	caaccctaag	aaggtcgacc	tcattcatctg	ggagatcgag	gtgccaaagc	1200	20
acttagtcgg	tcggctaatt	ggcaagcagg	ggcgctatgt	gagttttctg	aagcaaacat	1260	
ctggtgcaa	gatctacatt	tcaaccctgc	cttacaccca	gagcgtccag	atctgccaca	1320	
tagaaggctc	tcaacatcat	gtagacaaag	cgtggaactt	gattgggaag	aagttcaaaag	1380	
agctgaacct	ccaacaatct	tacgtctccc	cattgccttc	actggcactg	ccttctctgc	1440	
cgatgacatc	ctggctcatg	ctgcctgatg	gcattcacctg	ggaggtcatt	gtggtcaacc	1500	25
aggtcaatgc	cgggcacctg	ttcgtgcagc	agcacacaca	ccctaccttc	cacgcgctgc	1560	
gcagcctcga	ccagcagatg	tacctctgtt	actctcagcc	tggaaatccc	accttgccca	1620	
cccagtgga	aataacgggtc	atctgtgccg	cccctggtgc	ggacggggcc	tggtggcgag	1680	
cccaagtggt	tgccctctac	gagagagacca	acgaagtggg	gattcgatac	gtggactacg	1740	
gcggtatata	gagggtgaaa	gtagacgtgc	tccggcaaat	caggtctgac	tttgtcacc	1800	30
tgccgtttca	gggagcagaa	gtccttcttg	acagtgatg	gcccctgtca	gacgatgacc	1860	
agttttcacc	ggaagcagat	gccgccatga	gcgagatgac	ggggaataca	gcactgcttg	1920	
ctcaggtgac	aagttacagt	ccaactgggtc	ttcctctgat	tcagctgtgg	agtgtgggtg	1980	
gagatgaagt	ggtgttgata	aaccgggtccc	tggtggagcg	aggccttgcc	cagtgggtag	2040	35
acagctacta	cacaagcctt	tgaccccat	gctgcttct	gagagtcttt	ttttgactg	2100	
ttgaaattgg	gcttggcact	caagtcaaa	atgaacatcg	gaataacaaa	cattgtcctc	2160	
tccagaaagt	cctttctttc	tccatactgt	agtcctattg	agaagacatt	tcgtctctga	2220	
gaaaaaagga	tggaactatg	ggttctcttc	gcaaagccaa	aggatagtgt	ttaacaagcc	2280	
agctggctta	tccctggttc	cagctgtttc	aaccagattg	tcctattccc	cctgttccat	2340	40
tcccctcttc	ttccttctat	ctccttcccc	ggcaaaaacc	aaacaaactg	gcagacaggc	2400	
caggatgta	tgttgcttgc	ttgagaggg	ttcctttact	tcaaaatctt	tcttcaggga	2460	
gcaagacatg	aactgactaa	ttggtatcca	ctacttgtac	agcttacata	aatgagttga	2520	
tgatatttaa	ccagttttta	taaacttcat	ttaggtctct	aaacacagac	tttttaaatt	2580	45
gcaactgtaa	atatgaaatg	gtcatcacat	ctgaccttgg	tcagtgggga	ggggaactgg	2640	
tatcctgcc	agcctgggtg	taatttgtaa	ccattttcta	tttgtgcaaa	ctctgtaaat	2700	
atgtgtttta	acaaatgtaa	tattttgtac	aagatacact	ggagaacaaa	gggaactcaa	2760	
gattcttcca	gccacatgtc	acctgtaggt	agaagtaaac	tctgcagtgc	agcttctgct	2820	
cttggccctc	ctggccagg	cccctgtggc	ttcctgcaca	ctggacagg	gactgtatgg	2880	50
tagagactgt	gatctgggaa	ctttttgctg	tacaaatctg	tttaaaaaaa	agagttgatg	2940	
atatttaacc	agtttttata	aacttcattt	aggctctct	acacagactt	tttaaaattg	3000	
caactgtaaa	tatgaaatgg	tcattcacatc	tgaccttggt	cagtggggag	gggaactggt	3060	
atcctgcaa	gcctggttgt	aatttgtaac	cattttctat	ttgtgcaaac	tctgtaaata	3120	
tgtgttttaa	caaatgtaat	attttgtaac	agatacactg	gagaacaaa	ggaactcaag	3180	55
attcttccag	ccacatgtca	cctgtaggta	gaagtaaact	ctgcagtgtc	gcttctgctc	3240	
ttggccctc	tgccagggg	ccctgtggct	tcctgcacac	tggaacagg	actgtatggt	3300	
agagactgtg	atctgggaac	tttttgctgt	acaaaaagta	actcattgaa	taaacttgca	3360	
gtggtgtgtt	tgattctttt	ttagactggc	ttcagcattg	tgagtttaa	a	3411	60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33 :

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1393 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

20

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

30	gaagaagaga	aaaaagaggt	gatgcttcag	aatggagaga	ccccaagga	cctgaatgat	60
	gagaaacaga	agaaaaatat	taaacaacgt	ttcatgttta	acattgcaga	tggtggtttt	120
	actgagttgc	actccctttg	gcagaatgaa	gagcgggcag	ccacagttac	caagaagact	180
	tatgagatct	ggcatcgacg	gcatgactac	tggtctgctag	ccggcattat	aaacctggc	240
	tatgccccgt	ggcaagacat	ccagaatgac	ccacgctatg	ccatcctcaa	tgagcctttc	300
35	aagggtgaaa	tgaaccgtgg	caatttctta	gagatcaaga	ataaatttct	agctcgaagg	360
	tttaagctct	tagaacaagc	tctgggtgatt	gaggaacagc	tgcgccgggc	tgcttacttg	420
	aacatgtcag	aagacccttc	tcacccttcc	atggccctca	acaccgctt	tgctgaggtg	480
	gagtgttttg	cggaaagtca	tcagcacctg	tccaaggagt	caatggcagg	aaacaagcca	540
	gccaatgcag	tcctgcacaa	agttctgaaa	cagctggaag	aactgctgag	tgacatgaaa	600
40	gctgatgtga	ctcgactccc	agctaccatt	gcccgaattc	ccccagttgc	tgtgaggtta	660
	cagatgtcag	agcgtaacat	tctcagccgc	ctggcaaacc	gggcacccga	acctaccca	720
	cagcaggtag	cccagcagca	gtgaagatgc	agactgatac	cacctccacc	gctgagcagt	780
	gaccttcctc	actttctctt	gtcccagctt	ctcccctggg	ggcctgagag	accctcacct	840
45	tccttctgcc	catcttccat	gttgtaaagg	aacagcccca	gtgcactggg	ggaggggagg	900
	gagtgagggg	cagtgggtgcc	cttctctgcag	aagagacatg	cagcagtagc	gctggcgcca	960
	tctgcaggag	ctggcgggct	ggccttctgg	accctggctt	ctccccactg	taacgcctgt	1020
	tacacacaaa	ctgttggtgg	ttcctgccag	gcttgaagaa	aatgatctga	atTTTTTcct	1080
	ccttttggtt	ttatTTTggt	ggtttatttt	gtgttttctt	ttctcctttt	tgggggggtat	1140
50	tcagagtttg	ctgggcccct	gggcgagaca	cagctacctc	tggttggcatc	tttttaatac	1200
	caggaaccca	gcggctctag	ccactgagcg	gctaaatgaa	ataaagtgga	aaaaaaaaaa	1260
	aaggaaaaaa	ccaaaagcat	aaaaaaccac	agcaaatttc	ttgatgaaaa	ttgaaaataa	1320
	aagtttcctt	gtatTTTtaa	aagggaaaaa	gaaggaaaaa	aaggagaggg	aaaaagggag	1380
55	gggggagagg	agt					1393

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

60

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1236 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

20

gtgggccacc	cctaatacct	attgcttctt	aaaggtattt	tcaccctctt	cgcttggtac	60
agccctcaca	gctcttcaga	gcaagcactg	gactacaagg	gcatggctca	caaaaggtta	120
atggatgggg	gttacctagc	cctgggcta	tccccttcca	ttcccaactc	tctctctctt	180
tttgaagaaa	aatgctaagg	gcagccctgc	ctgccctccc	catcccccgc	tgtaaatata	240
cactatTTTT	gatagcacac	atggggcccc	catatctctt	ggccttggtt	ttgatgttga	300
aatcctggcc	ttgggagaga	tgcccttcag	gcagacacag	ctgtctgggt	caggccaagc	360
ccctttgcaa	tgcaagccct	ttctgggtgt	atgaagtccc	tctatgtcgt	cgttttcacc	420
agcaactggt	gactgtccct	tcgacacgga	cctgctttga	gatttcctga	cagggaaaag	480
atTTctgtcc	atTTTTttcc	tgtgcctaac	agcataattg	ccttttccta	tgtaaatatt	540
atgatgggtg	atcaagacat	aagtaaatga	gcctttctgc	ctcacatcag	ccctgtgtat	600
aaagccatta	ttctctgatg	cactgtttgc	cccagtaact	cactttaaaa	cctctctttc	660
cagtgttccc	tctctccctc	cagggccact	gcttgaagaa	gaatatgtat	gtttctatct	720
tgatatgtctg	tgtgcccctc	ctgccccgaa	agtgtgact	atggggaaat	cttttagctg	780
ctgttttttag	actccaagga	gtggaaatta	tgtggaagaa	gcaaacctga	tacaatttgc	840
ccaaggtaaa	cagtttgaaa	agacaaatgg	gcctgccaaa	ctgtacagtt	tcttccccaa	900
gagctggttag	gtatcaaaat	gttgctcctt	ccccctccg	tgcttttctg	gttgagatca	960
tgtcattgat	gaactgccaa	agtcagggga	ggagggcaga	gactttgtgt	ttacatctgc	1020
atttctacat	gttttagaca	gagacaattt	aaggcctgca	ctcttatttc	actaaagaaa	1080
aactaatgtc	agcacatgtt	gctaatagaca	gtggattttt	ttttaataaa	aaaagtttac	1140
agatcaaagt	tgaataaat	atgaatggag	tggctctctt	gtctgttatc	tgagttttca	1200
aaagctttaa	gactctggga	acatctgatt	ttatgg			1236

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 749 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

ggagatgcag	aggtaaaagt	gtgagcagtg	agtttacttt	tcaaggcatc	ttagcttcta	60
ttatagccac	atccctttga	aacaagataa	ctgagaattt	aaaaataaaa	aaatacataa	120
gaccataaca	gccaacaggt	ggcaggacca	ggactatagc	ccaggtcctc	tgataccag	180
agcattacgt	gagccaggta	atgagggact	ggaaccaggg	agaccgagcg	ctttctggaa	240
aagaggagtt	tcgaggtaga	gtttgaagga	ggtgagggat	gtgaattgcc	tcagagaga	300
agcctgtttt	gttggaaggt	ttggtgtgtg	gagatgcaga	ggtaaaagtg	tgagcagtga	360
gttacagcga	gaggcagaga	aagaagagac	aggagggaaa	gggccatgct	gaaggacct	420
tgaagggtaa	agaagtttga	tattaaagga	gttaagagta	gcaagttcta	gagaagaggc	480
tggtgctgtg	gccagggtga	gagctgctct	ggaaaatgtg	acccagatcc	tcacaaccac	540
ctaatacaggc	tgaggtgtct	taagcctttt	gctcacaaaa	cctggcacia	tggtctaattc	600
ccagagtgtg	aaacttccta	agtataaatg	gttgtctgtt	tttctaactt	aaaaaaaaaa	660
aaaaaagttt	ggccgggtgc	ggtggctcac	gcctgtaatc	ccagcacttt	gggaggccaa	720
ggtgggggga	tcacaaggtc	actagatgg				749

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1251 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

gtgaccccc	taggcctgag	gcttgtgcag	gcagtggg	tgaggtaagg	cttctgatg	60
ccccctgtcc	ctgcccagaa	cctgatggcc	ctcattagtc	cttggctctt	atcttggaag	120
cacaggcgct	gacagccgtc	ccagcccttc	tgtctgcggg	cctgaaccaa	acggtgccat	180
ggggaactgt	ctgcacagg	cggagtctcc	ccctcaactg	agaactcaag	tcagctggac	240
ttcgaagatg	tatggaattc	ttcctatgg	gtgaatgatt	ccttcccaga	tgagactat	300
gatgccaacc	tgaagcagc	tgccccctgc	cactcctgta	acctgctgga	tgactctgca	360
ctgccccctt	tcacccctac	cagtgtcctg	ggtatcctag	ctagcagcac	tgctctcttc	420

DE 198 13 835 A 1

atgcttttca	gacctctctt	ccgctggcag	ctctgccctg	gctggcctgt	cctggcacag	480	
ctggctgtgg	gcagtggcct	cttcagcatt	gtggtgcccg	tcttgccccc	agggctaggt	540	
agcaactcgca	gctctgccct	gtgtagcctg	ggctactgtg	tctggtatgg	ctcagccttt	600	
gccagggctt	tgtctgtagg	gtgccatgcc	tccctggggc	acagactggg	tgcaggccag	660	5
gtcccaggcc	tcaccctggg	gctcactgtg	ggaatttggg	gagtggctgc	cctactgaca	720	
ctgcctgtca	ccctggccag	tgggtgcttct	ggtggactct	gcaccctgat	atacagcacg	780	
gagctgaagg	ctttgcaggc	cacacacact	gtagcctgtc	ttgccatctt	tgtcttggtt	840	
ccattggggt	tgtttggagc	caaggggctg	aagaaggcat	tgggtatggg	gccaggcccc	900	
tggatgaata	tcctgtgggc	ctggtttatt	ttctggtggc	ctcatggggg	ggttctagga	960	10
ctggatttcc	tgggtgaggtc	caagctgttg	ctgttgctca	catgtctggc	ccagcaggct	1020	
ctggaccctg	tgctgaacct	ggcagaagcc	ctggcaattt	tgcactgtgt	ggctacgccc	1080	
ctgctcctcg	ccctattctg	ccaccaggcc	acccgcaccc	tcttgccctc	tctgcccctc	1140	
cctgaaggat	ggtcttctca	tctggacacc	cttgggaagca	aatcctagtt	ctcttcccac	1200	15
ctgtcaacct	gaattaaagt	ctacactgcc	tttgtgaaaa	aaaaaaaaaa	a	1251	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3283 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

ctggcctcag	caccttcag	aactggttac	ctagtacccc	cgccacctcc	tggggtggac	60	
tcaccagttc	caggaccaca	gacaatggtg	gggagcagac	tgccctgagc	ccccaagagg	120	
ccccgttctc	tggcatctcc	acgcccccg	atgtgtctcag	tgtaggcccc	gagcctgcct	180	55
gggaagccgc	agccactacc	aagggccttg	cgactgacgt	ggcgacgttc	acccaagggg	240	
ccgccccagg	cagggaggac	acggggcttt	tgaccaccac	acacggcccc	gaagaagccc	300	
cacgcttggc	aatgctgcag	aatgagttgg	aggggctggg	ggacatcttc	caccccatga	360	
atgcggagga	gcaagctcag	ctggctgcct	cccagcccgg	gccaaagggtg	ctgtcggcgg	420	
aacaggggag	ctacttcggt	cgtttaggtg	acctgggtcc	cagcttccgc	cagcgggcat	480	60
ttgaacacgc	ggtgagccac	ctgcagcacg	gccagttcca	agccaggggac	actctggccc	540	
agctccagga	ctgcttcagg	ctgattgaaa	aggcccagca	ggctccagaa	gggcagccac	600	
gtctggacca	gggctcaggt	gccagtgcgg	aggacgtctc	tgtccaggag	gagcgggatg	660	
ccggggttct	gtccagggtc	tgcggccttc	tccggcagct	gcacacggcc	tacagtggcc	720	65
tggctctccag	cctccagggc	ctgcccgcgg	agctccagca	gccagtgggg	cgggcgcggc	780	
acagcctctg	tgagctctat	ggcatcgtgg	cctcagctgg	ctctgtagag	gagctgcccc	840	
cagagcggct	ggtgcagagc	cgcgagggtg	tgcaccaggc	ttggcagggg	ttagagcagc	900	

	tgctggaggg	cctacagcac	aatccccgc	tcagctggct	ggtagggccc	ttcgcttgc	960
	ccgctggcgg	gcagtagctg	taggagcctg	caggcccggc	gcggggtcgc	cctgctctgt	1020
5	ccagggagga	gctgcctcag	aactttctcc	ccgcccccaa	acctggatcg	gttccctaaa	1080
	gccctagacc	tttggggctg	cagctggctg	agcgccgagg	ggctgcggag	gcagtgcct	1140
	tcttaactga	gccacccac	gccctgctcc	gggctgcct	gcctctccca	cctcctcccc	1200
	agcgctgcct	gcccctctcg	gagcctgggg	tcactcagac	caccagccaa	gagccttccc	1260
	ttgaagtccc	caagcaagca	ctgcaattag	gaaagaagaa	aagcagcgtg	cccagcctgg	1320
10	aaagggcatct	gtttgccccg	ctagcaaccc	ttttatatct	agcagggctc	ttccagtcct	1380
	gcagcacggg	ccccagcta	tcagcgggtg	aggcagtgct	gtggcatccc	aggctccggg	1440
	cagctccgtt	ctcatgctga	aagtgggtct	ccggccttag	cacacacacc	ttgagggctc	1500
	taagaaccac	attccctcat	agtagaaaagt	actagaaaaa	gcgacactgc	catcatcatc	1560
	ccaaggcagg	ctgctactgc	ctttgctgac	ccccggggtg	gcctcacggg	ggggacaaaag	1620
15	ctgccaggag	ccacagcagc	cacagctggg	gctttgcacc	agcctggctt	gagactgagc	1680
	agtttgcagg	gggtgggggg	tgcaaaaaac	aagcaaacag	gctgctgctg	cctccagctg	1740
	cccaccacag	gcctgccccca	ggcacctggg	gctctgaggc	ccctggggag	gctgggccc	1800
	gcagctgccc	ctggagaaca	cagacaaagg	acttccccgc	agggaaactgt	gccctatgga	1860
20	gggatcagac	agggtggga	acagccacag	aggctgcgtg	cctatggcac	agcccttcct	1920
	ccgcccacac	ctccccctgg	gtcctcaggc	ccaccaagc	gccgggctgc	agaggaagcg	1980
	gggctgggga	ggctgcaggc	atcagagaca	ctggtgggtg	cggacccggc	cggcggggccc	2040
	cgtgctctca	ggctagccca	ggtcgtggag	gctggcaggc	tcaggtcggg	tgtgagacgt	2100
	gccgtggctg	cgctcagtc	agcggggagg	agcgttcag	cccggcctcc	ccaggaagcc	2160
25	atatccccac	tcaccggga	agagaacctt	gtcgtccct	ttccatgctc	tcctaggaca	2220
	cgaagcccagg	aaccccagac	ccagggggag	gaaggggtga	ggggcccag	gggtcaccat	2280
	gtgcaccagg	ggccgtgagg	ggccggggca	ttcagctcag	ctctgaaccg	gggaagctgg	2340
	cacggcaagg	actgcctcag	gtgacgggcc	gtgagagggg	acgggtcagg	agccttccca	2400
	agccttctcc	tcagcccagc	acccatggcc	atcggaggct	aggatgccag	acacagccat	2460
30	ttgcagaaat	caggcacagt	gactgcagct	cacgtccagc	caaccaagca	tggggccgca	2520
	gctcaggaag	tcccttccc	ccacaccaca	gcctaattct	tactgggacg	gaggcaactc	2580
	ggctacgctg	ggcaggacga	caaacacgag	acgccactgt	ggaatgagca	acttcggagc	2640
	acgggggtgac	ttgcttggga	ccgtgcccac	gtgacagccc	cttatgcaga	ggaggaaaag	2700
35	gaagccccga	gtgggagggg	aacctgtcca	aagtcacacg	gtgtgtgggt	gacacagctg	2760
	gggtgagtcg	aggctggccc	ctgaggccca	tgctccctga	acgctggaga	ccactgtcgg	2820
	ctagcagcgg	ctctcaggga	aggcctggtc	tccaccctcc	cagcctagcc	tcgcggaacc	2880
	tcgtcctccc	cacatcggac	ctgctcacct	gcctggaccc	tgggctgcca	gatgcaggaa	2940
	gcataaaacc	ccccagcctc	gtgggtgcgg	ggcagggcgc	aggcagcaca	gcttagatgc	3000
40	cctggtttgt	ccctcttgtc	tcctgggaag	agcttgctcc	cgcccagctc	tcctgccact	3060
	ggcctttcag	ggttgggctg	ggcccagagt	gccttttagt	cgcttctcac	ggtggcctga	3120
	tggctcaacc	cagtcacaaa	cgggccaggt	gacactgccg	actgcacccc	agctcaggcc	3180
	cccactgcac	cagcaatgct	agaaaaccaa	gccaataaaa	gtgatttctt	ttttcattaa	3240
45	aaaaaagaaa	aaaagagaca	gaggaagtag	atgctggccg	ggc		3283

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2720 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

55 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

10

agaaaatagt	ttcaagcaga	ccatagccaa	gatcaacttc	aaagttttag	attcagaaat	60
ggtggctggt	gtgacggaca	aatggtcccc	gtggacctgg	gccagctctg	tgagggcttt	120
acccttccac	ccgaaggaca	tcattggggc	attcagccac	tcagaaatgc	agatgattaa	180
ccaatactgc	aaagacactc	ggcagcaaca	tcagcaggga	gatgaatcac	agaaaatgag	240
aggggactat	ggcaagttaa	aggccctcat	caatagtcgg	aaaagtagaa	acaggaggaa	300
tcagttgcca	gagtcataat	atcttcttat	gtgggtctta	tgcttccatt	aacaaatgct	360
ctgtcttcaa	tgatcaaatt	ttgagcaaag	aaacttgtgc	tttaccaagg	ggaattactg	420
aaaaagggtga	ttactcctga	agtgaagttt	acacgaactg	aaatgagcat	gcattttctt	480
gtatgatagt	gactagcact	agacatgtca	tggtcctcat	ggtgcatata	aatatattta	540
acttaaccca	gattttattt	atatctttat	tcaccttttc	ttcaaaatcg	atatggtggc	600
tgcaaaacta	gaattgttgc	atccctcaat	tgaatgaggg	ccatatccct	gtggtattcc	660
tttctctgctt	tggggcttta	gaattctaata	tgctcagtgt	tttgtatatg	aaaacaagtt	720
ccaaatccac	agctttttacg	tagtaaaagt	cataaatgca	tatgacagaa	tggtctatcaa	780
aagaaataga	aaaggaagac	ggcattttaa	gttgataaaa	aacacgagtt	attcataaag	840
agaaaatgat	gagtttttat	ggttccaatg	aaatatggtg	gggttttttt	aagattgtaa	900
aaataatcag	ttactgggtat	ctgtcactga	cctttgtttc	cttattcagg	aagataaaaa	960
tcagtaacct	accccatgaa	gatatttggg	gggagttata	tcagtgaagc	agtttggttt	1020
atattcttat	gttatcacct	tccaaacaaa	agcacttact	ttttttggaa	gttatttaata	1080
ttattttaga	ctcaaagaat	ataatcttgc	actactcagt	tattactggt	tgttctctta	1140
ttccctagtc	tgtgtggcaa	attaaacaat	ataagaagga	aaaatttgaa	gtatttagact	1200
tctaaataag	gggtgaaatc	atcagaaaga	aaaatcaaag	tagaaactac	taatttttta	1260
agaggaattt	ataacaaata	tggctagttt	tcaacttcag	tactcaaatt	caatgattct	1320
tcctttttat	aaaaccagtc	tcagatatca	tactgatttt	taagtcaaca	ctatatattt	1380
tatgattcttt	tcagtgtgat	ggcaagggtgc	ttgttatgtc	tagaaagtaa	gaaaacaata	1440
tgaggagaca	ttctgtcttt	caaaaaggtaa	tgttacatac	gttcaactgt	ctctaagtgt	1500
aaaagtagta	aattttgtga	tgaataaaat	aattatctcc	taattgtatg	ttagaataat	1560
tttatttagaa	taatttcata	ctgaaattat	ttcttccaaa	taaaaattag	atggaaaaat	1620
gtgaaaaaaa	ttattcatgc	tctcatatat	attttaaaaa	cactactttt	gcttttttat	1680
ttacctttta	agacattttc	atgcttccag	gtaaaaacag	atattgtacc	atgtacctaa	1740
tccaaatata	atataaacat	tttatttata	gttaataatc	tatgatgaag	gtaattaaag	1800
tagattatgg	ccttttttaag	tattgcagtc	taaaacttca	aaaactaaaa	tcattgtcaa	1860
aattaatatg	attattaatc	agaatatcag	aatatgattc	actattttaa	ctatgataaa	1920
ttatgataat	atatgaggag	gcctcgctat	agcaaaaaata	gttaaaatgc	tgacataaca	1980
ccaaacttca	tttttttaaaa	aatctgttgt	tccaaatgtg	tataatttta	aagtaatttc	2040
taaagcagtt	tattataatg	gtttgcctgc	ttaaaaggta	taattaaact	tcttttctct	2100
tctacattga	cacacagaaa	tgtgtcaatg	taaagccaaa	accatcttct	gtgtttatgg	2160
ccaatctatt	ctcaaagtta	aaagtaaaat	tgtttcagag	tcacagttcc	ctttattttca	2220
cataagccca	aactgataga	cagtaacggg	gtttagtttt	atactatatt	tgtgctattt	2280
aattctttct	attttcacaa	ttattaaatt	gtgtacactt	tcattacttt	taaaaatgta	2340
gaaattcttc	atgaacataa	ctctgctgaa	tgtaaaagag	aatTTTTTTT	caaaaatgct	2400
gttaatgtat	actactgggtg	gttgattggg	tttattttat	gtagcttgac	aattcagtga	2460
cttaatatct	attccatttg	tattgtacat	aaaattttct	agaaatacac	ttttttccaa	2520
agtgtaaagt	tgtgaataga	ttttagcatg	atgaaactgt	cataatgggtg	aatgttcaat	2580
ctgtgtgaaga	aaacaaacta	aatgtagttg	tcacactaaa	atttaattgg	atattgatga	2640
aatcattggc	ctggcaaaat	aaaacatggt	gaattcccca	aaaaaagaaa	gggaggacgg	2700
gaggggagaa	ggaaggaagg					2720

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1036 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

```

30 gccggcgcgc ctttttaacc cccttccctt cctttttttt tgttgctgaa tgatatttta 60
   ttagcttgat aattttgggc tgcccttagc attaataagc ttcagcacta gtcacaagac 120
   ttctattcac tgggtgggaa actttcttgt tttaaaaaat gcaattcaag aaagggcac 180
35 tatttcttgg gggctgcggg gacagcaggc ttctcttcac gggatgatgg aatgggtgcgc 240
   tcagggccag agacctgttt ccttggtcca ttcacagtga ggaccccatc agatgacagg 300
   gatgaagtaa tgggtgagagg gtctacatca gctgggatcc ggtatttcct gtggaactcc 360
   ctggagatga aaccatgttc atcctggcgc tcttcatgtt ttccatgcac ctcaatcaca 420
   tctcccaaca ccttaacttt gatttctctt ggggagaagt gcttcacatc caggttgaca 480
40 gagaacctgt ccttctccag gcgcattctt gagagtccag tgtcaaacca gctgggtgcc 540
   cgcaggaagg aggggtggccg aaggtagaag ggactcaggg aagtagacgt cgggaaaaga 600
   tcagactcca acaggtgtct tccgaagaac tgggtcaaaga ggcggctggg ggagtggaaa 660
   ggaaagaagg ggcggcggat ccagggggtg tggatggcga tgtccatggt ggctaggtga 720
45 gtgtgagggg tcagctggcc tggtcagctc cttcagctgc agctacagcc agccccttat 780
   atatgcagtc ttgtgaagct tctggaatgg tgatgtcagg ggttttatta tcctagctca 840
   ccagcagttc atggagactt gtgatccggg atttggcaat gtgacacata ccaggtactc 900
   actgagctaa gaaaagagag acacaaacac gtctgagccg gccagtgact tgtcatggtc 960
   ttgtttcact agctttctgt ccacacccaa tggcaccac cccacccctt gttctctgaa 1020
50 gctggtacag agtcag 1036
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2659 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

15

acccacgggg	ctgccctccc	ctgcgcactc	ccctcgctgc	ccgggcccgg	agcgcgagtgg	60
ggcgcacag	attcacaatg	ttgaaagccc	ttttcctaac	tatgctgact	ctggcgctgg	120
tcaagtcaca	ggacaccgaa	gaaaccatca	cgtacacgca	atgcactgac	ggatatgagt	180
gggatccctgt	gagacagcaa	tgcaaagata	ttgatgaatg	tgacattgtc	ccagacgctt	240
gtaaaggtgg	aatgaagtgt	gtcaaccact	atggaggata	cctctgcott	ccgaaaacag	300
cccagattat	tgtaataat	gaacagcctc	agcaggaaac	acaaccagca	gaaggaacct	360
caggggcaac	caccggggtt	gtagctgcca	gcagcatggc	aaccagtggg	gtgttgcccg	420
ggggtgggtt	tgtggccagt	gctgctgcag	tcgcaggccc	tgaaatgcag	actggccgaa	480
ataactttgt	catccggcgg	aaccacgctg	accctcagcg	cattccctcc	aacccttccc	540
accgtatcca	gtgtgcagca	ggctacgagc	aaagtgaaca	caacgtgtgc	caagacatag	600
acgagtgcac	tgaggggacg	cacaactgta	gagcagacca	agtgtgcata	aatttacggg	660
gatcctttgc	atgtcagtcg	cctcctggat	atcagaagcg	aggggagcag	tgcgtagaca	720
tagatgaatg	taccatccct	ccatatggcc	accaaagatg	cgtgaataca	ccaggctcat	780
tttattgcca	gtgcagtcct	gggtttcaat	tggcagcaaa	caactatacc	tgcgtagata	840
taaatgaatg	tgatgccagc	aatcaatgtg	ctcagcagtg	ctacaacatt	cttggttcat	900
tcattctgtca	gtgcaatcaa	ggatatgagc	taagcagtg	caggctcaac	tgtgaagaca	960
ttgatgaatg	cagaacctca	agctacctgt	gtcaatatca	atgtgtcaat	gaacctggga	1020
aattctcatg	tatgtgcccc	cagggatacc	aagtgggtgag	aagtagaaca	tgtcaagata	1080
taaatgagt	tgagaccaca	aatgaatgcc	gggaggatga	aatgtgttgg	aattatcatg	1140
gcggcttccg	ttgttatcca	cgaaatcctt	gtcaagatcc	ctacattcta	acaccagaga	1200
accgatgtgt	ttgcccgatc	tcaaatgcca	tgtgccgaga	actgccccag	tcaatagtct	1260
acaaatacat	gagcatccga	tctgataggt	ctgtgccatc	agacatcttc	cagatacagg	1320
ccacaactat	ttatgccaac	accatcaata	cttttcggat	taaatctgga	aatgaaaatg	1380
gagagtctta	cctacgacaa	acaagtcctg	taagtgcatt	gcttgtgtct	gtgaagtcac	1440
tatcaggacc	aagagaacat	atcgtggacc	tggagatgct	gacagtcagc	agtataggga	1500
ccttcgcgac	aagctctgtg	ttaagattga	caataatagt	ggggccattt	tcatttttagt	1560
cttttctaag	agtcaaccac	aggcatttaa	gtcagccaaa	gaatattgtt	accttaagc	1620
actattttat	ttatagatat	atctagtga	tctacatctc	tatactgtac	actcaccat	1680
aattcaaaca	attacaccat	ggtataaagt	gggcatttaa	tatgtaaaga	ttcaaagtgt	1740
gtctttatta	ctatatgtaa	attagacatt	aatccactaa	actggtcttc	ttcaagagag	1800
ctaagtatac	actatctggt	gaaacttggg	ttctttccta	taaaagtggg	accaagcaat	1860
gatgatcttc	tgtggtgctt	aaggaaactt	actagagctc	cactaacagt	ctcataagga	1920
ggcagccatc	ataaccattg	aatagcatgc	aagggttaaga	atgagttttt	aactgctttg	1980
taagaaaatg	gaaaagggtca	ataaagatat	atttcttttag	aaaatgggga	tctgccatat	2040
ttgtgttgg	ttttattttc	atatccagcc	taaaggtgg	tgttttattat	atagtaataa	2100
atcattgctg	tacaatatgc	tggtttctgt	agggtatttt	taattttgtc	agaaatttta	2160
gattgtgaat	attttgtaaa	aaacagtaag	caaaattttc	cagaattccc	aaaatgaacc	2220
agatatcccc	tagaaaatta	tactattgag	aaatctatgg	ggaggatatg	agaaaataaa	2280
ttccttctaa	accacattgg	aactgacctg	aagaagcaaa	ctcggaaaaa	ataataacat	2340
ccctgaattc	aggacttcca	caagatgcag	aacaaaatgg	ataaaaggta	tttacttgga	2400
gaagttttaa	tttctaagta	aaatttaaat	cctaacactt	cactaattta	taactaaaat	2460
ttctcatctt	cgtacttgat	gctcacagag	gaagaaaatg	atgatggttt	ttattcctgg	2520
catccagagt	gacagtgaac	ttaagcaaat	taccctccta	cccaattcta	tggaaatattt	2580
tatacgtctc	cttgttttaa	atgtcactgc	tttactttga	tgtatcatat	ttttaaataa	2640
aaataaatat	tcctttaga					2659

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2939 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

35	tttttttttt	ttttttttgt	ggtaataaaaa	tggtgtcaat	tttattaaaa	gctgattcca	60
	tttcttcaca	cagttaagta	cgtttctttc	ttgttttggt	aaagccatt	tcataagagt	120
	gagttggctc	tgtgagacca	tactgataa	agacacatac	agttagcacc	acacatttat	180
	aaatgcagat	agccacaatg	acctttccaa	tatgtacaag	ctccatttac	acatccacac	240
	atgtatttac	agctaataaa	taaaatgtaa	agccagaaca	tccttgatat	atataacaaa	300
40	gtttttcgga	gccagagttc	ccagtgtctat	gtgctgcttt	agtgaatctt	ttaagttaat	360
	gcaccctggg	tcacaacca	aatccagaaa	tttaatgaat	taataaagg	gatgccaaca	420
	acaaatcata	catcatttta	tttttagaga	gaattcattc	caagcctgat	gatgttaatc	480
	acaacattgg	tcctactatt	tataggcacg	atcatctctc	tcagagaaag	ggtcgaagt	540
	ctggcacatc	aggaacaatt	tctactccga	catgttccaa	tacatccctt	gatcgactgt	600
45	tttcccttcc	gaattatgct	gaaggacaac	acacatgcag	agctttctag	tatgtgttca	660
	gatatcacat	actttcacag	tcgggttccc	agctatagcc	tctgagatat	ttgacatctt	720
	tatcatttca	tattttatac	tagaagagca	ttctgaaaa	taggagatct	agtttataaa	780
	tagttgttca	ctcactcttg	attagttggt	aaaaacaaca	aatagcaacc	ctcatggtac	840
50	tccatctggc	tcattgacag	cgatggttta	caagcactgc	ttaggaatcc	acccaggaa	900
	cctctccacc	cttttactta	gtaaaaacgg	tcctgtgcta	aaatctgtag	aagctcacac	960
	aatgcaaaat	ttgaactcaa	acctatcttt	tcatgtcaaa	gccaggaaca	aaagagacgc	1020
	actggaagta	caactgaagc	atgaccaagg	taagcctaaa	actgaagagt	aactgtcaga	1080
	tattgaatga	ttttaaatg	atgaaaatca	tttgagaaat	ctaataataa	aattacgggt	1140
55	tctttttttt	tttctgcacc	attcaaatta	tgtgtcagct	gaggattaca	ggctcatttt	1200
	caacacctac	ccagagaaca	ttattataat	ataatcttga	gacaaaaaag	aagggggaga	1260
	gagggattaa	gcaataaacg	ataaagccta	ttaagaatta	attgatctag	atttttatatc	1320
	tccttgaatt	tgtaactttg	tcatgatgca	ggccaatggt	agggactgtt	taaaacctct	1380
60	gtgtttatca	gacctttct	tcgtccctct	ccaagttaca	tgttctctgg	tgacgtctgg	1440
	accacattcc	aatagcaaga	gggaatcatt	ctaaaaacatc	attcatactg	ctgtgtagat	1500
	gagtctgatt	cgtgcccg	aaaagcattt	tctgtattct	tggagactta	gagtaaaagt	1560
	tgagaaggcc	tcagtcggaa	agatccagaa	ttccaattaa	aataggaggt	tctaaccaat	1620
	tataggctat	ggcccaatac	gccacatgaa	ggagccttat	tttactctgc	gctcaaacaa	1680
65	ttatttcttt	ctcaaaggac	aaaacagcac	ttttcatgat	ccactgtctt	ttaacgttg	1740
	aggatgtgct	atttgccac	tatacccat	aaattgaatt	agccactttt	tagtgcttga	1800
	gactgtctcc	taaaataact	aacaagggt	gggctgggat	taatattcag	gaaaatccac	1860
	ttttgaaca	ccccaaacac	tgggtatggt	ttgtaaaagt	tacttctctc	acttcattct	1920

DE 198 13 835 A 1

tcacagaatt	cacatgccgt	tctttgttct	gtagattcgc	ccagtttcag	cctgacttct	1980	
tattcagaga	cttgtcatgg	catttcacaa	ataccgcagg	tgcctttcct	ttctgcaaat	2040	
gagacacttt	ctccctagaa	cagaagatca	cctttttctg	agtctctcct	gcttttactc	2100	
tgatcttctg	aatggcgaag	ccgggactgc	tccaccagtc	tgaccagcta	aagtatgaat	2160	5
cactcttcca	tttgagcttc	aacatgagta	gttctccaat	atctacctct	gtgtaaatta	2220	
ggaaggagta	ggtcttattt	gtggaaactt	caggcagagt	gaatgggatg	ttctcactct	2280	
cggccacggt	gccatacaga	gaaatctcaa	aggcctgatt	ggtatgggtt	tcactctcag	2340	
tcccagaaaa	atgaatcttt	acttggtaat	ggaagacttt	gtagggcatc	tgagaacgag	2400	10
tcttcaggta	cattttgctg	cttcttttgg	ctctgacttt	attgatctca	tagcccagat	2460	
tggtgcagcg	gttctttcta	caactcaagc	agagcccttt	ctcaaaggct	tccttggaac	2520	
tgcacctgta	ggccttactt	ggattttctt	cattcaacag	agagtcgatg	aagagatgaa	2580	
tggagcgctc	gtgggagcac	ttcactagct	ggtccacatc	tccaagtcct	ctctctgcaa	2640	
tcacgcggat	agcttctcca	atgttacatc	ctggctgaaa	agtacctcca	ttcgggtaaa	2700	15
tgtcaacatg	cccaactggt	ttctggatcc	caatgcttcg	accaggggac	cctctggtga	2760	
atgtgtgtaa	gacgtctaca	aaatctgcat	catcaggaga	aagacgactc	ggggcttctg	2820	
catactcaaa	gttaggtcca	gctggatcga	ggccagtaat	tctgttgaac	tttcttattg	2880	
gtcagacttc	ctgcaatgcc	agcagcatgg	gctccaaggc	tgtatcccaa	gagatggac	2939	20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1292 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42

gcacgcgcat	gacgcgcccc	aatgccaccg	aagcctccaa	gcccccaaggc	acaacgggtgt	60	55
gtcctccctg	tgacaacgag	ttgaaatctg	aggccatcat	tgaacatctc	tgtgccagcg	120	
agtttgcact	gaggatgaaa	ataaaagaag	tgaaaaaaga	aaatggcgac	aagaagattg	180	
tccccaaaga	gaagaagccc	ctgaagttag	ggcccatcaa	gaagaaggac	ctgaagaagc	240	
ttgtgctgta	cctgaagaat	ggggctgact	gtccctgcc	ccagctggac	aacctcagcc	300	60
accacttctc	catcatgggc	cgcaagggtga	agagccagta	cttgctgacg	gccatccaca	360	
agtgggacaa	gaaaaacaag	gagttcaaaa	acttcatgaa	gaaaatgaaa	aacctatgagt	420	
gccccacctt	tcagtccgtg	tttaagtgat	tctcccgggg	gcaggggtggg	gagggagcct	480	
cgggtggggg	gggagcgggg	gggacagtgc	cccgggaacc	cggtgggtca	cacacacgca	540	
ctgcgcctgt	cagtagtgga	cattgtaatc	cagtgcgctt	gttcttgtag	cattcccgtc	600	65
cccttccctc	catagccacg	ctccaaaccc	cagggtagcc	atggccgggt	aaagcaaggg	660	
ccatttagat	taggaagggt	tttaagatcc	gcaatgtgga	gcagcagcca	ctgcacagga	720	
ggaggtgaca	aaccatttcc	aacagcaaca	cagccactaa	aacacaaaaa	gggggatttg	780	

	gcggaaagtg	agagccagca	gcaaaaaacta	catttttgcaa	cttggttggtg	tggatctatt	840
	ggctgatcta	tgccctttcaa	ctagaaaattt	ctaagtattg	gcaagtcacg	ttgttttcag	900
	gtccagagta	gtttctttct	gtctgtctta	aatggaaaca	gactcatacc	acacttacaa	960
5	ttaaggtcaa	gcccagaaag	tgataagtgc	agggaggaaa	agtgcaggc	cattatgtaa	1020
	tagtgacagc	aaagggacca	ggggagaggc	attgccttct	ctgcccacag	tctttccgtg	1080
	tgattgtctt	tgaatctgaa	tcagccagtc	tcagatgcc	caaagtttcg	gttcctatga	1140
	gcccggggca	tgatctgatc	cccaagacat	gtggaggggc	agcctgtgcc	tgcccttggtg	1200
	tcagaaaaag	gaaaccacag	tgagcctgag	agagacggcg	attttcgggc	tgagaaggca	1260
10	gtagttttca	aaacacatag	ttaaaaaaga	aacaaatgaa	aaaaatttta	gaacagtcca	1320
	gcaaatgtct	agtcagggtg	aattgtgaaa	ttgggtgaa	agcttaggat	tctaactctca	1380
	tggtttttcc	ttttcacatt	tttaaaagaa	caatgacaaa	cacccactta	tttttcaagg	1440
	ttttaaaaca	gtctacattg	agcatttgaa	aggtgtgcta	gaacaaggtc	tcctgatccg	1500
15	tccgaggtctg	cttcccagag	gagcagctct	ccccaggcat	ttgccaaggg	aggcggattt	1560
	ccctggtagt	gtagctgtgt	ggcttttcctt	cctgaagagt	ccgtgggtgc	cctagaacct	1620
	aacaccccc	agcaaaaactc	acagagcttt	ccgttttttt	ctttcctgta	aagaaacatt	1680
	tcctttgaac	ttgattgcct	atggatcaaa	gaaattcaga	acagcctgcc	tgtccccccg	1740
	cactttttac	atataattgt	ttcattttctg	cagatggaaa	gttgacatgg	gtgggggtgc	1800
20	cccatccagc	gagagagttt	caaaagcaaa	acatctctgc	agtttttccc	aagtaccctg	1860
	agatacttcc	caaagccctt	atgtttaatc	agcgatgat	ataagccagt	tcacttagac	1920
	aactttaccc	ttcttgtcca	atgtacagga	agtagttcta	aaaaaatgc	atattaattt	1980
	cttcccccaa	agccggattc	ttaattctct	gcaacacttt	gaggacattt	atgattgtcc	2040
	ctctggggca	atgcttatac	ccagtggaga	tgctgcagtg	aggctgtaaa	gtggccccct	2100
25	gcggccctag	cctgaccccg	aggaaaggat	ggtagattct	gttaactctt	gaagactcca	2160
	gtatgaaaat	cagcatgcc	gcctagttac	ctaccggaga	gttatcctga	ttaaattaac	2220
	tctcacagtt	agtgatcctg	tccttttaac	accttttttg	tgggggtctc	tctgaccttt	2280
	catcgtaaag	tgctggggac	cttaagtgat	ttgcctgtaa	ttttggatga	ttaaaaaatg	2340
30	tgtatatata	ttagctaatt	agaaatatc	tacttctctg	ttgtcaaaact	gaaattcaga	2400
	gcaagttcct	gagtgcgtgg	atctgggtct	tagttctggt	tgattcactc	aagagttcag	2460
	tgctcatacg	tatctgtctca	ttttgacaaa	gtgcctcatg	caaccggggc	ctctctctgc	2520
	ggcagagtcc	ttagtggagg	ggtttacctg	gaacattagt	agttaccaca	gaatacggaa	2580
	gagcaggtga	ctgtgctgtg	cagctctcta	aatgggaatt	ctcaggtagg	aagcaacagc	2640
35	ttcagaaaaga	gctcaaaaata	aattggaaat	gtgaatcgca	gctgtgggtt	ttaccaccgt	2700
	ctgtctcaga	gtcccaggac	cttgagtgtc	attagttact	ttattgaagg	tttttagacc	2760
	atagcagctt	tgtctctgtc	acatcagcaa	tttcagaacc	aaaaggagg	ctctctgtag	2820
	gcacagagct	gcactatcac	gagcctttgt	ttttctccac	aaagtatcta	acaaaaccac	2880
	tgtgcagact	gattggcctg	gtcattggtc	tccgagagag	gagggtttgcc	tgtgatttcc	2940
40	taattatcgc	tagggccaag	gtgggatttg	ttaaagcttt	caataatcat	tctggataga	3000
	gtcctgggag	gtccttgcca	gaactcagtt	aaatctttga	agaatatttg	tagttatctt	3060
	agaagatagc	atgggagggtg	aggattccaa	aaacatttta	tttttaaaat	atcctgtgta	3120
	acacttggtc	cttggtacct	gtgggttagc	atcaagttct	ccccagggtg	gaattcaatc	3180
	agagctccag	tttgcatctg	gatgtgtaaa	ttacagtaat	cccatctccc	aaacctaaaa	3240
45	tctgtttttc	tcatcagact	ctgagtaact	ggttgctgtg	tcataacttc	atagatgcag	3300
	gaggctcagg	tgatctgttt	gaggagagca	ccctaggcag	cctgcaggga	ataacatact	3360
	ggccgttctg	acctgttgcc	agcagataga	caggacatgg	atgaaattcc	cgtttcctct	3420
	agtttcttcc	tgtatctact	ctcttttaga	tcctaagtct	cttacaaaag	ctttgaatac	3480
50	tgtgaaaatg	ttttacatc	catttccatt	gtgtgtgttt	tttaactgca	ttttaccaga	3540
	tgttttgatg	ttatcgctta	tgtaaatagt	aattcccgtg	cgtgttcatt	ttattttcat	3600
	gctttttcag	ccatgtatca	atattcactt	gactaaaatc	actcaattaa	tcaataaaaa	3660
	aaaaaaaaaa						3670

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

60 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1025 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

65 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

20

ctttaaccag	ttatttacag	tgtgctcatt	cgttcagaaa	ttagatacaa	aatctcaaga	60
cctgttacta	ctgattttat	taaatacagag	tctttaattc	ttgcatgttt	gtatctaatt	120
tctgaacgaa	tgagcacact	ttaaccagtt	atttacagtt	acctttttcc	tttaaccgga	180
ttgtgaaagc	ttcatgtatt	ttaatttaga	ttctgtgttt	ttaagggttc	tgagcatgaa	240
gctggcagat	agtcggcagg	actcattttt	tcatcatggc	tggctgattt	ctccatagat	300
tgataacagt	attttgttat	cttgcttctc	tgtagttttg	catcagctgt	ttactttga	360
gctgagttag	gggagagggg	taaagagaaa	gaaacttaag	ttttctttca	cagaactcca	420
ccattgtggg	ctttgagaga	gccctaaagc	attgtaccta	gtggtaccta	gtgacttcca	480
accaaagcct	ttgagtatgc	actaaatagg	tgagaagaaa	ggagagaagg	tttttagggt	540
agaaaccttt	aaccgataga	aggatatggt	atgttgtaaa	gctggaacca	agtttgcat	600
tttgaggggt	tgagatgaag	ggaagactct	taccagatag	taagacagct	gagttttcct	660
cagttttctc	gtcttaacac	tagtggacaa	ttctagcatt	ttgtttggag	gatttcagag	720
ttaacctcat	ggaattcagg	attttttagc	aagtttgctt	ttggttttat	cttggtcttt	780
agtaatcatg	ttggctgggc	tggtcacagg	tgactgtgaa	acagatgcc	tggtcttgct	840
ttcatcactc	taggatcatg	aagtgtctatg	ctatttcctg	gttatgaata	tttaagggttg	900
aattacattt	ttattgattg	tttggtatcag	agctcagttc	ctgtagaaaa	cgaactgtaa	960
aagaccatgc	aagaggcaaa	ataaaacttg	aagtgaatgc	taaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	1020
aaaaa						1025

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1219 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

60

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

65

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44

```

10  cttagatgtg gctcttttggg gagataattht tgtccagaga ccttttctaac gtattcatgc 60
    cttgtatttg tacagcatta atctggtaat tgattatttt aatgtaacct tgctaaagga 120
    gtgattttcta tttccttttct taaagaggag gaacaagaag atgaggaaga aatcgatgtt 180
    gtttctgtgg aaaagaggca ggctcctggc aaaaggctcag agtctggatc accttctgct 240
    ggaggccaca gcaaacctcc tcacagccca ctggctcctca agagggtgcca cgtctccaca 300
15  catcagcaca actacgcagc gcctccctcc actcgggaagg actatcctgc tgccaagagg 360
    gtcaagttgg acagtgtcag agtcctgaga cagatcagca acaaccgaaa atgcaccagc 420
    ccagggtcct cgacaccga ggagaatgtc aagaggcgaa cacacaacgt cttggagcgc 480
    cagaggagga acgagctaaa acggagcttt tttgccctgc gtgaccagat cccggagttg 540
20  gaaaacaatg aaaaggcccc caaggtagtt atccttaaaa aagccacagc atacatcctg 600
    tccgtccaag cagaggagca aaagctcatt tctgaagagg acttggtgcg gaaacgacga 660
    gaacagttga aacacaaact tgaacagcta cggaactctt gtgcgtaagg aaaagtaagg 720
    aaaacgattc cttctaacag aaatgtcctg agcaatcacc tatgaacttg tttcaaatgc 780
    atgatcaaat gcaacctcac aaccttggct gagtcttgag actgaaagat ttagccataa 840
25  tgtaaaactgc ctcaaattgg actttgggca taaaagaact tttttatgct taccatcttt 900
    tttttttctt taacagattt gtatttaaga attgttttta aaaaatttta agatttacac 960
    aatgtttctc tgtaaatatt gccattaaat gtaataaact ttaataaaac gtttatagca 1020
    gttacacaga atttcaatcc tagtatatag tacctagtat tataggtagt ataaacccta 1080
    atttttttta tttaagtaca ttttgctttt taaagttgat ttttttctat tgtttttaga 1140
30  aaaaataaaa taactggcaa atatatcatt gagccaaaaa gaaaaaanaa gaaaaaaaag 1200
    gaagaaaagg gagggggggg 1219

```

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

40

- (A) LÄNGE: 538 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

60

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

```
ccaggaggct gtgaggggga gaatgttctt ttggccactg tgaagcctca ggaaggggct 60
```


cggattgctc	aaggacccat	gggagagagg	aggctttgac	tgggctgcct	gcctgtgagg	120	
tctctggact	agaggtccaa	cgcagtcag	ctgacaagga	tggaatacgc	catgaagtcc	180	
cttagccttc	tctaccccaa	gtccctctcc	aggcatgtgt	cagtgcgtac	ctctgtggtg	240	5
accagcagc	tgtctgcgga	gccagcccc	aaggcccca	gggcccggcc	ctgccgcgta	300	
agcacggcgg	atcgaagcgt	gaggaagggc	atcatggctt	acagtcttga	ggacctctc	360	
ctcaaggtcc	gggacactct	gatgctggca	gacaagccct	tcttcctggg	gctggaggaa	420	
gatggcacia	ctgtagagac	agaagagtac	ttccaagccc	tggcagggga	tacagtgttc	480	
atgggtcctc	agaaggggca	gaaatggcag	cccccatcag	aacaggggac	aaggcacc	538	10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1776 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46

gtctagggcg	gccgccgctg	cgctgctgc	tctcgcctg	ccgcgctgca	gtgcgaagg	60	45
ctcgaagatg	gccggttggc	agagctacgt	ggataacctg	atgtgcatg	gctgctgcca	120	
ggaggccgcc	attgtcggct	actgcgacgc	caaatacgtc	tgggcagcca	cggccggggg	180	
cgtctttcag	agcattacgc	caatagaaat	agatatgatt	gtaggaaaag	accgggaagg	240	
tttctttacc	aacggtttga	ctcttgccgc	gaagaaatgc	tcagtgatca	gagatagtct	300	50
atacgtcgat	ggtgactgca	caatggacat	ccggacaaa	agtcaagggt	gggagccaac	360	
atacaatgtg	gctgtcggca	gagctggtag	agcattgggt	atagtcattg	gaaaggaagg	420	
tgtccacgga	ggcacactta	acaagaaaag	atatgaactc	gctttatacc	tgaggagggtc	480	
tgatgtgtaa	gcagcctctc	cccatctacc	tagcaactgt	cttcatcaac	aaccctaatt	540	
atggtcacaa	tgtaccaaa	ctgtagatgg	tagctaattt	ttctttacct	atctttcta	600	55
gtcatgatcc	ctgtttgccc	aatggatcat	ttgtatgtta	accactgtat	gtaaccaacc	660	
cttatctggc	aacataaattg	cagcacaata	atgatttgca	tgataccttg	aaattggggg	720	
gagggggcat	gccaaagttg	gcacactttt	gtcttagcaa	ttaatgggat	attgattact	780	
aaaataagtt	aatattaagc	aagtgccgg	ttgtacaatc	tctgatcagt	gtcttttcag	840	60
cactttgagc	atttacttgg	ctcatttagt	cttccttttg	tagcgcattg	ttgggaggaa	900	
aaagtgcagt	catcattcc	tactctttct	ctttttcccg	ccccccctc	ccttcgcaca	960	
taggcatttg	gtttgcttcc	atcttttttt	atgcagtgcc	tgtttttttt	taaccaatta	1020	
aaatcccttt	tgttgatgag	ctattgagag	ctgcagttagt	ttgcttttag	tattgttgtt	1080	
gcacttgagc	agagacaaac	ctttattcat	agtgtctaca	ggacatatga	agagtgcaat	1140	65
ggcaaaaaca	gagcaaaaag	cacttcctcc	catgacctta	cagtaacat	actgattgaa	1200	
tccccaggga	cattccatca	ttgcaatagc	tcagattttt	cttccttttt	ctttgcacac	1260	
cagctctact	ctttagtaaa	attgtaaaag	gtcgccatta	tggacattag	gtatcccaac	1320	

DE 198 13 835 A 1

ataaccatct ggagtggtgc cagtttggtc ttcataaggac caatttttat ttgcagcttg 1380
 agtttttata tgaagttgca ttattgtgga cttggctgtc ttgtgatgaa tttttttcat 1440
 atgtattctg tgccatacta ttgttaaaat gaactgttgc tattgtgaga tggattttaa 1500
 5 ctgacctatt aagggtttct ttcgaatggc actactttag ggacattcta gtatttgctt 1560
 ctattgtttg ggccttggtg ataatgtaca gatttaaaaa caaatcttgt tgctgatttg 1620
 tccatttctt tccctgcact ttgttacatc tgggatacag tctaactcat ctgatttaat 1680
 atgcatttaa aaaaatgcca taactattaa acacctgtt tacagacaga tgaaataaat 1740
 10 ttattccaac caaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaagag 1776

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47 :

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20

(A) LÄNGE: 360 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

50

gccacgggtc cggccacggg tgcggccacg ggtccgacaa tagtatgcag ctaaaaaata 60
 attgtatgtc tttatatact aatatgtaat aatcttcagg tgaaaaaggc aagccacaga 120
 aatgtgtata gcgcacttcc catttggtgt tcagaaagga gtagaatata aacacataat 180
 tgcttatgta tgcctattca gaataaatgg gtaacactga ttacttttgg gaggggaacc 240
 agtaggttga ggacaggaga ggggaagggtc ttaacactta cacccttttg tacattttga 300
 attttgaacc atgtgactgt attacctatt caaataaac aataaatggg cccaaacagg 360

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

60

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: Basenpaare

(B) TYP: 2192 Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48

gaggcctgcg	cccacaccct	ctcctgtcca	gccctcgccc	gcctgggcag	ggcccggcgc	60	20
cgtcctgtga	tgagccacag	aacctcttcc	accttcagag	cggagagaag	tttccattcc	120	
tcttctctct	cctcctccgc	tgccacctcc	tctcggcct	cccggtctct	cccggcccag	180	
gacccgcccc	tggagaagcg	cctgagcatg	ttttccgatg	actttggcag	cttcatgcgg	240	
ccccactcgg	agcccctggc	cttcccagcc	cgccccgggtg	gggcaggcaa	catcaagacc	300	25
ctaggagacg	cctatgagtt	tgcggtggac	gtgagagact	tctcacctga	agacatcatt	360	
gtcaccacct	ccaacaacca	catcgaggtg	cgggctgaga	agctggcggc	tgacggcacc	420	
gtcatgaaca	ccttcgctca	caagtgcag	ctgcccggag	acgtggaccc	gacgtcgggtg	480	
acctcggtc	tgcgggagga	cggcagcctc	actatccggg	cacggcgtca	cccgcataca	540	
gaacacgtcc	agcagacctt	cgggacggag	atcaaatct	gagtgctct	cccttcctt	600	30
tcctgtgcc	ccccgcccc	cgcctgccag	caaagcctcg	ctaaccctat	tacaacagct	660	
ccaggacatc	tcagcccagg	ttctagcccc	cacgcacccc	agaccccagg	tggaccatcc	720	
tcccaacta	gggcccctcca	ctctatccag	ggcaggccag	ggactccctg	gcctgacaca	780	
tgatgcccag	atttcagatt	tggcctccgt	cacttaatcc	agagtacagg	ggctgggggtc	840	
agggaaaggaa	gatctaaaga	acccactgtg	ggtcagggga	atgggaccag	caggacatat	900	35
gggcaagctc	tgacggacag	acaggcagac	aaacctctg	atctatgaag	tctctgcagg	960	
gcaaggggac	cagggacctg	gaacctctt	ggcgaagggg	agtgggagag	acagagggaa	1020	
ggtcacagga	aagggtgcct	atctaagtgg	aactaatgc	cagagggtct	agcaaggcca	1080	
agaggagaca	gccgtgacgg	ttaaacttccc	ctctaccagc	ctccaagccc	cacgccagcg	1140	40
agcaggctgc	ctgcccaccc	cgtgccccca	gccagctggc	tgtgccaggg	cagagccatg	1200	
ccacatctgt	atatagatgg	ggtttttcca	atacagctgg	ttcgtgataa	actgcatgaa	1260	
actcctgccg	tcttgccct	gctggggcct	ccaggcaagg	ccacgtgggg	ttgggggtgg	1320	
ggctggtcct	tctccctccc	acaggcctgt	gttcttgggg	ctgctcccat	gcagaagga	1380	
tcacctaaca	gagatggaag	ccagggcag	gatggggctt	tgggtcctcg	agggtggacc	1440	45
ccagcttctt	gccaccttcc	cctccgggca	gtcagctctc	catccatccc	cctctttaat	1500	
ctatgaatct	ataggctcgg	tgtgtgtaac	acacacaccc	ctatcgttgt	ccttcaaata	1560	
ctcagcatta	ccattgggtg	aggccaaatt	cagagctttc	tcaaatacaga	tttacaatct	1620	
ccaatttcat	taacggggaa	acatccccga	gccactgagt	gctgtgcttt	gtcactgaag	1680	
gtagatctg	aacccagggt	gtcaacagct	gctctcaact	ccccacctct	gggcactgag	1740	50
gagtatttcc	cctcattcta	cctctctaag	gctatgcacc	cctccccacg	tcttccagct	1800	
gggggatggg	gggagtcata	ggaaaagccc	ccatctccca	tctgggatag	ggaccttcca	1860	
tcagccttaa	ccctgggaaa	tgctgctgc	ccccagtgc	tcttggttcc	gtctccaca	1920	
tacagaagca	gggtggaggg	gaagggtggg	tctcagttag	caggggtccc	cagggcaagt	1980	55
cagcctcctc	cctccatgcc	tctctggtca	gtgtgcctta	gggtggcctc	tactccccc	2040	
cactctgggc	cccttggggg	aggactgggg	agggggccgt	gggagagccc	tgacgctgga	2100	
acctgtatac	acaataaagg	acagtctcac	agacaaaaag	aggccgcctg	ccggagtctt	2160	
caaacttagg	gcagggcctt	acttgagaga	aa			2192	60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

65

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2952 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

gtgcggatgc	cgcccgccag	cagcatcatg	gctcacgggc	ccggcgcgct	gatgctcaag	60
tgcgtggtgg	tcggcgacgg	ggcggtgggc	aagacgtgcc	tactcatgag	ctatgccaac	120
gacgccttcc	cggaggagta	cgtgccacc	gtcttcgacc	actacgcagt	cagcgtcacc	180
gtggggggca	agcagtacct	cctaggactc	tatgacacgg	ccggacagga	agactatgac	240
cgtctgaggc	ctttatctta	cccaatgacc	gatgtcttcc	ttatatgctt	ctcgggtgta	300
aatccagcct	catttcaaaa	tgtgaaagag	gagtgggtac	cggaaactta	ggaatacgca	360
ccaaatgtac	cctttttatt	aataggaact	cagattgata	tccgagatga	ccccaaaact	420
ttagcaagac	tgaatgatat	gaaagaaaaa	cctatatgtg	tggaacaagg	acagaaacta	480
gcaaagaga	taggagcatg	ctgctatgtg	gaatgttcag	ctttaacca	gaagggattg	540
aagactgttt	ttgatgaggc	tatcatagcc	attttaactc	caaagaaaca	cactgtaaaa	600
aaaagaatag	gatcaagatg	tataaactgt	tgtttaatta	cgtgagaaac	atcttcagtg	660
gccaaggaaa	ctgtccattt	ctctcagaaa	gcaaatgaaa	tgctacagct	ataccagac	720
cttttatagg	taatgaagca	gttcaaaact	tgaagaaaaa	caaaacctgt	cctcagaatt	780
ctataaagtg	tattaagaat	gttccttaaa	ggtttaagaa	gcagtaagca	gcactctgaag	840
ccacaatcta	ttataaatat	tttatttcaa	ctagaaggta	caatctctca	ggggtttcat	900
agttaaaaaa	gtacaatat	catcatgttg	taactacgta	aaaaacagag	ctgtáaatgg	960
aactgcttgg	ctttgaccat	acacatttct	gccagccct	tacagaatct	gcacaaagaa	1020
atatctccct	ttgctccagt	taattgttct	tgtatgtaag	ttgctttcta	ttccagtata	1080
tccagagtgg	tgaataaaca	agccagcca	cgtagccaaa	ggtcgctcca	agcgtacagg	1140
agatgggcca	tacctgagga	gagaatgtat	gagatcaaaa	aagaacaaat	gttttattat	1200
tacttgagca	caagtgtaac	ctaaatattt	ctatatataa	gcttaatgtg	ctttcttaaa	1260
gaatgccaaa	agtgtataaa	ggtcataact	gcatattatca	tgaacactaa	aaatgtacac	1320
attttagtta	atgtgcattt	aactgttaaca	aggcttctgg	caattgtaga	tttagtttga	1380
cgtcccccaa	agtgcattag	acacatgcta	aaattacaaa	ttaaaatttt	gggtcagact	1440
ttgccataat	gatagactca	atttagctct	ctgaactagt	tggttaatttt	ttttttttta	1500
ttcccacttt	ggctgtgtac	atcaaatgaa	atgagaagtg	tgtatgctga	ccaaaccaca	1560
agaaactttc	tttaagttgt	gttaaagagg	aaagacctag	aatccaagcg	tgttacatga	1620
aaattgtaac	agagcagctg	cttccacctt	tcagatatag	atgttggaac	cacagcagaa	1680
gttatagagc	gacaacttat	atacacacct	agaatgtaag	ttaaacaaaa	taccggcttc	1740
cagagacccc	ttttctccag	ccatattaca	tcaggctaga	agtaattaat	gttgatttat	1800
ttcatctaca	agcagttggg	ccctaagtga	aaggctctgc	ttgaaaaaaa	aaagaaaaaa	1860
aagttggagg	aaaattttca	tgttcttctg	tgaagcttat	ttggtacact	ggagccattt	1920
ctaacttttc	tctgggggga	acaggccaca	gaactgtgtt	agaggtgaac	catcttaatt	1980
actagttcta	ttacctaat	cagcttccct	gtttgttctg	ctgtggatct	gccttattgc	2040
atatgccatg	catcagataa	tggatgcata	agataatggt	gttagacaaa	gcttcattgt	2100
gaacaacctt	atgcatttta	gagaaacaat	ctcatcacat	tttttctagc	ctttcctaca	2160
tttaaacctg	ctgttgccca	aattataatt	ttttaaatgt	ctttggtggg	cttctgttaa	2220
ttcacatgac	ttgagcttat	agctatgtct	actgcacaga	ttgggtaagt	gaacactaaa	2280

cttttatact	tgaaaatgac	agccttaa	gctcatatca	gtcacaaatc	taggatgtac	2340	
tgtcttggtg	tatgtgagct	ttgtagagat	ttttaaaaat	ataagcatca	ccttcccatt	2400	
gaagagtggg	gagagtctac	tggatgactg	gccaggaact	ttctctctga	atcggacatt	2460	5
tggatgtctt	ctttcttcca	agaaatgggtg	gttcacatta	aagtatcatg	gccttatgta	2520	
tgctcaaatg	gaatcttatg	taactttctt	atttaatttt	ggtctgctta	tttttagata	2580	
aaattgaaag	gaattgtata	aatcaattaa	catattagct	gagttgtcca	acacatggta	2640	
taaacgaatt	acaacagtaa	actattacac	atttccaact	tgcttttggg	gatttatgag	2700	
gatttttttt	ggtgggggga	gggggctcca	attcatatct	ctgaaaccct	tcacacttgg	2760	10
tttactaatt	caaagttaga	agtctagaat	ttgccctgcc	ctaacagaaa	cagattagga	2820	
atttgtctac	acaaactggt	gtcacctggt	tcttgactgg	gatttgggtt	cctcattata	2880	
aatatgggag	gtagaacaga	gatctccaac	gtctctccca	tttatcacag	taattttctt	2940	
attcacagta	at					2952	15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 615 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

gcaaggatgg	tctcaatctc	gacctcgtga	tccgcccacc	ttggcctccc	aaagtgttgg	60	50
gattacaggc	gtgactcacc	atgccagcc	acttagtttt	ttcttattcc	cacctttcta	120	
tcccatagaa	cactcttttt	tatcttccct	gaaccatatt	gatgagataa	atagggctgg	180	
gggctggggc	ccgctggtca	ctcaacagag	tatttccctt	ggccgagatg	gaagttttgt	240	
cccaatagat	gagctgctga	gtatcaacaa	ggtgacattt	ttctgctgcc	catttgtgtc	300	55
ctggagacgg	tggtagccctg	aaggcagagg	ccagctgccg	caagacagca	atgacagtcc	360	
acctgccgac	ctgatttcctg	catcatggaa	taaccacatg	gctaccttct	atcctctgtt	420	
cccaaagtgt	ggtggcactt	atcctgaagt	cgtcaatgat	ttccctttga	aactacttta	480	
ttttactaat	ttaaactatt	ttgtactgat	gtagccctga	ggtagttoat	gaaaatgctg	540	
tgcactcatt	ccatggaata	aatgttggaa	agctgatctt	ttctgatata	aaatgttgaa	600	60
tgataaaaaa	aaaaa					615	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1488 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

ttttactgac	cttgctagaa	gtttacagca	aggaagtgca	ggaacatttc	acaaatctac	60
aatctgtgag	tatcacatcc	tgtatagctg	taaacactgg	aataaggaag	ggctgatgac	120
tttcagaaga	tgaaggtaa	tagaaaccgt	tgatgggact	gagaaaccag	agttaaaacc	180
tctttggagc	ttctgaggac	tcagctggaa	ccaacgggca	cagttggcaa	caccatcatg	240
acatcacaa	ctgttcccaa	tgagaccatc	atagtgtccc	catcaaagt	catcaacttc	300
tcccaagcag	agaaacccga	acccaccaac	caggggcagg	atagcctgaa	gaaacatcta	360
cacgcagaaa	tcaaagttat	tgggactatc	cagatcttgt	gtggcatgat	ggtattgagc	420
ttggggatca	ttttggcatc	tgcttccctc	tctccaaatt	ttaccaagt	gacttctaca	480
ctgttgaact	ctgcttacc	attcatagga	cccttttttt	ttatcatctc	tggtctctta	540
tcaatcgcca	cagagaaaag	gttaaccaag	cttttgggtg	atagcagcct	ggttggaagc	600
attctgagtg	ctctgtctgc	cctggtgggt	ttcattatcc	tgtctgtcaa	acaggccacc	660
ttaaatacctg	cctcactgca	gtgtgagttg	gacaaaaata	atataccaac	aagaagttat	720
gtttcttact	tttatcatga	ttcactttat	accacggact	gctatacagc	caaagccagt	780
ctggctggaa	ctctctctct	gatgctgatt	tgcactctgc	tggaattctg	cctagctgtg	840
ctcactgctg	tgctgcgggt	gaaacagggt	tactctgact	tccctggggt	gagtgtgctg	900
gccggcttca	cttaaccttg	cctagtgtat	cttatccctg	cactgtgttg	agtatgtcac	960
caagagtgg	agaaggaaca	accagccaat	cacgagatac	acatgggagg	gcatttgcac	1020
tgtgatggaa	gacagagaag	aaaagcagat	ggcaattgag	tagctgataa	gctgaaaatt	1080
cactggatat	gaaaatagtt	aatcatgaga	aatcaactga	ttcaatcttc	ctattttgtc	1140
agcgaaggga	atgagactct	gggaagttaa	atgactggcc	tggcattatg	ctatgagttt	1200
gtgcctttgc	tgaggacact	agaacctggc	ttgcctccct	tataagcaga	aacaatttct	1260
gccacaacca	ctagtctctt	taatagtatt	gacttggtaa	agggcattta	cacacgtaac	1320
tgatccag	gaatgtctta	tgtctgtcat	ttgccctgg	tgatcttaaa	attcgtttgc	1380
ctttttaaag	ctatattaaa	aatgtattgt	tgaatcaaaa	aaaaaaagg	agtgagaggt	1440
gggggtgggg	gggggaggag	ggggggccgt	ttaggggggg	ccgggttt		1488

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1304 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52

caagtgtgag ccaccacacc tggcctggaa ggaacccttt aaaatcagtt tacgtcttgt	60	25
atattgttct gtgatggagg aacttgagga gagttgctat tccagtcaat catgtcgagt	120	
cactggactc tgaaaatcct attggttcct ttattttatt tgagtttaga gttcccttct	180	
gggtttgtat tatgtctggc aaatgacctg gggtatcact tttcctccag ggtagatca	240	
tagatcttgg aaactcctta gagagcattt tgctccacc aaggatcaga tactggagcc	300	
ccacataata gatttcattt cactctagcc tacatagagc tttctgttgc tgtctcttgc	360	30
catgcacttg tgcggtgatt acacacttga cagtaccagg agacaaatga cttacagatc	420	
ccccgacatg cctcttcccc ttggcaagct cagttgacct gatagtagca tgtttctgtt	480	
tctgatgtac cttttttctc ttcttctttg catcagccaa ttcccagaat ttcccaggc	540	
aatttgtaga ggaccttttt ggggtcctat atgagccatg tcctcaaagc ttttaaacct	600	35
ccttgctctc ctacaatatt cagtacatga ccactgcat cctagaaggc ttctgaaaag	660	
aggggcaaga gccactctgc gccacaaagg ttgggtccat cttctctccg aggttgtgaa	720	
agttttcaaa ttgtactaat aggctggggc cctgaccttg ctgtgggctt tgggaggggt	780	
aagctgcttt ctgatctctt cccagtggag catggagggt tttctgaatt ttgtctacct	840	
cacagggatg ttgtgaggct tgaaaaggct aaaaaatgat ggccccttga gctctttgta	900	40
agaaaggtag atgaaatatc ggatgtaatc tgaaaaaag ataaaatgtg acttcccctg	960	
ctctgtgcag cagtcgggct ggatgctctg tggcctttct tgggtcctca tgccacccca	1020	
cagctccagg aaccttgaag ccaatctggg ggactttcag atgtttgaca aagaggatcc	1080	
aggcaactt cctgctacac atgccctgaa tgaattgcta aatttcaaag gaaatggacc	1140	
ctgcttttaa ggatgtacaa aagtatgtct gcacatgat ctgtactgta aatttcta	1200	45
ttatcactgt acaaaagaaa ccccttgcta ttttaatttg tattaaagga aaataaagtt	1260	
ttgtttgtta aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaa	1304	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2262 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

```

ctcgagccga ttcggctcga gctaattttt aagtctcgat tggaaatcag tgagtaggtt 60
cataatgtgc atgacagaaa taagctttat agtggtttac cttcatttag ctttggaagt 120
tttctttgcc ttagtttttg aagtaaattc tagttttag ttctcatttg taatgaacac 180
attaacgact agattaaaat attgccttca agattgttct tacttacaag acttgctcct 240
acttctatgc tgaaaattga ccctggatag aatactataa ggttttgagt tagctggaaa 300
agtgatcaga ttaataaatg tatattggta gttgaattta gcaaagaaat agagataatc 360
atgattatac ctttattttt acaggaagag atgatgtaac tagagtatgt gtctacagga 420
gtaataatgg ttccaaaga gtatttttta aaggaacaaa acgagcatga attaaactctt 480
caatataagc tatgaagtaa tagttgggtg tgaattaaag tggcaccagc tagcacctct 540
gtgttttaag ggtctttcaa tgtttctaga ataagccctt attttcaagg gttcataaca 600
ggcataaaat ctcttctcct ggcaaaagct gctatgaaaa gcctcagctt gggaagatag 660
atttttttcc cccaatttac aaaatctaag tattttggcc cttcaatttg gaggagggca 720
aaagttggaa gtaagaagtt ttattttaag tactttcagt gctcaaaaaa atgcaatcac 780
tgtgttgtat ataatagttc ataggttgat cactcataat aattgactct aaggctttta 840
ttaagaaaac agcagaaaaga ttaaactctt aattaagtct ggggggaaat ggccactgca 900
gatggagttt tagagtagta atgaaattct acctagaatg caaaattggg tatatgaatt 960
acatagcatg ttgttgggat tttttttaat gtgcagaaga tcaaagctac ttggaaggag 1020
tgccataaat ttgccagtag ccacagatta agattatac ttatatatca gcagatttagc 1080
tttagcttag ggggagggtg ggaaagtttg ggggggggtg tgtgaagatt tagggggacc 1140
ttgatagaga actttataaa cttctttctc ttaataaag acttgtctta caccgtgctg 1200
ccattaaagg cagctgttct agagtttcag tcacctaaag acaccacaa aacaatatga 1260
atatggagat cttcctttac ccctcaactt taatttgccc agttatacct cagtgttgta 1320
gcagtactgt gatacctggc acagtgcctt gatcttacga tgccctctgt actgacctga 1380
aggagacctt agagtccttt ccctttttga gtttgaatca tagccttgat gtggtctctt 1440
gttttatgtc cttgttccta atgtaaaagt gcttaactgc ttcttggttg tattgggtag 1500
cattgggata agattttaac tgggtattct tgaattgctt ttacaataaa ccaattttat 1560
aatctttaaa tttatcaact ttttacattt gtgttatttt cagtcagggc ttcttagatc 1620
tacttatggt tgatggagca cattgatttg gagtttcaga tcttccaag cactatttgt 1680
tgtaataact tttctaaatg tagtgccttt aaaggaaaaa tgaacacagg gaagtgactt 1740
tgctacaaat aatgttgctg tgtaagtat tcatattaaa tacatgcctt ctatatggaa 1800
catggcagaa agactgaaaa ataacagtaa ttaattgtgt aattcagaat tcataccaat 1860
cagtgttgaa actcaaacat tgcaaaagtg ggtggcaata ttcagtgcctt aacacttttc 1920
tagcgttggt acatctgaga aatgagtgc caggtggatt ttatcctcgc aagcatgttg 1980
ttataagaat tgtgggtgtg cctatcataa caattgtttt ctgtatcttg aaaaagtatt 2040
ctccacattt taaatgtttt atattagaga attctttaat gcacacttgt caaatatata 2100
tatatagtac caatgttacc tttttatttt ttgttttaga tgtaagagca tgctcatatg 2160
ttaggtactt acataaattg ttacattatt ttttcttatg taataccttt ttgtttgttt 2220
atgtggttca aatatattct ttccttaaac tcttaaaaaa aa 2262

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1301 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA 5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN 10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH 15
(C) ORGAN:(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library 20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54 25

```

accagcaagc aaccggccga agtctggaag ggcgccggag ccccgcgaa cggcccgacg 60
gagcgcagga ggttccccgc cgccgccgcc ttggccccga gtccctgcag ccgcagcccg 120
cacggaggga gccagccccg accttgcccc gctgcggccc ggggctcccg gccaaacccc 180
cctcaggaaa gaggttttaa aatcaaagat gggaaaatcg gagaaaattg cccttcccca 240
tggccagctt gttcatggta tacacttgta tgagcaacca aagataaaca gacagaaaag 300
caaatataac ttgccactaa ccaagatcac ctctgcaaaa agaaatgaaa acaacttttg 360
gcaggattct gtttcatctg acagaattca gaagcaggaa aaaaagcctt ttaaaaatac 420
cgagaacatt aaaaattcgc atttgaagaa atcagcattt ctaactgaag tgagccaaaa 480
ggaaaattat gctggggcaa agtttagtga tccaccttct cctagtgttc ttccaaagcc 540
tcctagtac tggatgggaa gcactgttga aaattccaac caaaacaggg agctgatggc 600
agtacactta aaaacgctcc tcaaagttca aacttagatt tcagatttca gtatgtgtgt 660
aaaacataat ttttccata tccctggact cttgagaaaa ttggtacaga aatggaaatt 720
tgccctgttg caacatacaa ttgcaaaaga tgagtttaaa aaattacata caaacagctt 780
gtattatatt ttatatattg taaatactgt ataccatgta ttatgtgtat attgttcata 840
cttgagaggt atattatagt tttgttatga aagtatgtat tttgccctgc ccacattgca 900
ggtgttttgt atatatacaa tggataaatt ttaagtgtgt gctaaggcac atggaagacc 960
gattttatatt gcacaaggta ctgagatttt tttcaagaaa cagctgtcaa atctcaaggt 1020
gaagatctaa atgtgaacag tttactaatg cactactgaa gtttaaatct gtggcacaat 1080
caatgtaagc atgggggttg tttctctaaa ttgatttgta atctgaaatt actgaacaac 1140
tcctattccc atttttgcta aactcaattt ctgggttttg tatatatcca ttccagctta 1200
atgcctctaa ttttaatgcc aacaaaattg gttgtaatca aattttaaaa taataataat 1260
ttggccccc ctttttaaaa aaaaaaaaa aaaaaaaaa a 1301

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55: 55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2036 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel 60
(D) TOPOLOGIE: linear(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA 65

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55

5
 10
 15
 20
 25
 30
 35
 40
 45
 50
 55

cggctcagtg gccctgagac catagctctg ctctcgggtcc gctcgtctgc cgctagcccg 60
 ctgcatgtt gcgcgtgcc gcccgcttcg ggccccgcct gggccgccgc ctcttgtcag 120
 ccgccgccac ccaggccgtg cctgccccca accagcagcc cgaggtcttc tgcaaccaga 180
 ttttcataaa caatgaatgg cacgatgccg tcagcaggaa aacattcccc accgtcaatc 240
 cgtccactgg agaggtcatc tgtcaggtag ctgaagggga caaggaagat gtggacaagg 300
 cagtgaaggc cgcccgggcc gccttcacgc tgggctcacc ttggcgccgc atggacgcat 360
 cacacagggg ccggtgctg aaccgcctgg ccgatctgat cgagcgggac cggacctacc 420
 tggcggcctt ggagaccctg gacaatggca agccctatgt catctctac ctggtggatt 480
 tggacatggt cctcaaatgt ctccggtatt atgccggctg ggctgataag taccacggga 540
 aaaccatccc cattgacgga gacttcttca gctacacacg ccatgaacct gtgggggtgt 600
 gcgggcagat cattccgtgg aatttccgc tcctgatgca agcatggaag ctgggcccag 660
 ccttggcaac tggaaacgtg gttgtgatga aggtagctga gcagacaccc ctcaccgccc 720
 tctatgtggc caacctgatc aaggaggctg gctttccccc tgggtgtggtc aacattgtgc 780
 ctggatttgg ccccacggct ggggcccga tggcctcca tgaggatgtg gacaaagtgg 840
 cattcacagg ctccactgag attggccgcg taatccaggt tgctgctggg agcagcaacc 900
 tcaagagagt gaccttggag ctggggggga agagcccaa catcatcatg tcagatgccg 960
 atatggattg ggccgtggaa caggccact tcgccctgtt cttcaaccag ggccagtgtc 1020
 gctgtgccgg ctcccggacc ttcgtgcagg aggacatcta tgatgagttt gtggagcggg 1080
 gggttgcccg ggccaagtct cgggtggtcg ggaacccctt tgatagcaag accgagcagg 1140
 ggccgcaagt ggtgaaact cagttaaga agatcctcgg ctacatcaac acggggaagc 1200
 aagagggggc gaagtgtgtg gtggtggggg cattgtctgt gaccgtggtt acttcatcca 1260
 gccactgtg tttggagatg tgcaggatgg catgaccatc gccaaaggagg agatcttcgg 1320
 gccagtgatg cagatcctga agttcaagac catagaggag gttgttggga gagccaacaa 1380
 ttccacgtac gggctggccg cagctgtctt cacaaggat ttggacaagg ccaattacct 1440
 gtcccaggcc ctccaggcgg gcaactgtgt ggtcaactgc tatgatgtgt ttggagccca 1500
 gtcacccttt ggtggctaca agatgtcggg gagtggccgg gagtggggcg agtacgggct 1560
 gcaggcatac actgaagtga aaactgtcac agtcaaagtg cctcagaaga actcataaga 1620
 atcatgcaag cttcctccct cagccattga tggaaagtcc agcaagatca gcaacaaaac 1680
 caagaaaaat gatccttgcg tgcgaatat ctgaaaagag aaatttttcc taaaaaatct 1740
 cttgggtcaa gaaagttcta gaatttgaat tgataaacat ggtgggttgg ctgagggtaa 1800
 gagtatatga ggaacctttt aaacgacaac aatactgcta gctttcagga tgatttttaa 1860
 aaaatagatt caaatgtgtt atcctctctc tgaaacgctt cctataactc gagtttatag 1920
 gggaagaaaa agctattgtt tacaattata tcaccattaa ggcaactgct acaccctgct 1980
 ttgtattctg ggctaagatt cattaataaac tagctgtctt taacaaaaaa aaagaa 2036

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1265 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

20

ccacgtagcc	tcgtgccgct	gcgtgcagct	tctgtctccc	tgtttttcta	atcaaggggt	60	
taggactttg	ctatctctga	gatgtctgct	acttgctgca	aattctgcag	ctgtctgctg	120	
ctctaaagag	tacagtgcac	tagaggggaag	tgttcccttt	aaaaataaga	acaactgtcc	180	25
tggtctggaga	atctcacaag	cggaccagag	atctttttta	atccctgcta	ctgtcccttc	240	
tcacaggcat	tcacagaacc	cttctgattc	gtaagggtta	cgaaactcat	gttcttctcc	300	
agtcccctgt	ggtttctggt	ggagcataag	gtttccagta	agcgggaggg	cagatccaac	360	
tcagaaccat	gcagataagg	agcctctggc	aaatgggtgc	tcatcagaac	gcgtggattc	420	30
tctttcatgg	cagaatgtct	ttggactcgg	ttctccaggc	ctgattcccc	gactccatcc	480	
tttttcaggg	gttattttaa	aatctgcctt	agattctata	gtgaagacaa	gcattttcaag	540	
aaagagttac	ctggatcagc	catgtctcagc	tgtgacgcct	gaataactgt	ctactttatc	600	
ttcactgaac	cactcactct	gtgtaaaggc	caacagatgt	ttaatgtggt	tttcatatca	660	
aaagatcatg	ttgggattaa	cttgccctttt	tccccaaaaa	ataaactctc	aggcaagcat	720	35
ttcttttaag	ctattaaggg	agtatatact	tgagtactta	ttgaaatgga	cagtaataag	780	
caaagtgtct	tataatgcta	cctgatttct	atgaaatgtg	tttgacaagc	caaaattcta	840	
ggatgtagaa	atctgggaaag	ttcatttccct	gggattcact	tctccaggga	tttttttaag	900	
ttaatgtggg	aaattaacag	cagttcactt	tattgtgagt	ctttgccaca	tttgactgaa	960	40
ttgagctgtc	atttgtacat	ttaaagcagc	tgttttgggg	tctgtgagag	tacatgtatt	1020	
atatacaagc	acaacagggc	ttgcactaaa	gaattgtcat	tgtaataaca	ctacttggtta	1080	
gcctaacttc	atataatgtat	tcttaattgc	acaaaaagtc	aataatttgt	caccttgggg	1140	
ttttgaatgt	ttgcttttaag	tgttggctat	ttctatgttt	tataaaccaa	aacaaaattt	1200	
ccaaaaacaa	tgaaggaaac	caaaataaat	atttctgcat	ttcaaataga	aaaaaaaaaa	1260	45
aaaaa						1265	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 274 Basenpaare

55

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57

```

15 attgcgagtt tttttgtttg ttgtttcaat gtgacttgct gtttatttca atgaaaattt 60
aatgatttct tacaaatcct ctgaaaagta aaactgatac ttttataaac agaagtatat 120
gcaaacagtc acaatatgca ttaggacgac tgacgatatt tcttcatgc cagggagttc 180
ttccatccca gcaaacacct cttatctgaa agtggttttt ctctataaa ttggcatcta 240
20 agggattttt aaaaagtcaa aaacagtggc aggg 274

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2073 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58

```

55 taaatttcca aatgttctact cgaggatcctt agaaaccaac catacagacg agccgatgcg 60
gtgaggagaa gcgtcaggcg gcgctttgat gatcagaact tgcgttctgt taatggtgcc 120
gaaataacaa tgtgaacctg agactggcct gcatgaatac aggggtgtgcg tgaatgaaac 180
tgcccacatg aactttatgt gctacgattt aactgcagcc ttgaacacac acaaaaatat 240
60 tcttaagggc tcagatttag caaacacaga agaattttaa aatgagctct ctttcaacc 300
cttggttaaca agtgcctaaa aatggaagta cctgttcaga ttaatcaaag caataggatt 360
tgatttgatt aggtatcttt ttacaccagt atgttatttt taaccaaaat gtaaagtctt 420
tattaaactc attacctgcc attgtgattg tcccatcatg gccacctgg tttcctgatg 480
ttgtaataaa catcaatgca tctgctgtgg gtctttgtct gagatgtctt cgaaggatt 540
65 ttgttttagc catatccatc aactttgtat ttacttgca atttggaaga aggaaagtca 600
catgatgaaa ctctttttgt ctataaccag gccctggcaa agtgcaaca ggatgcaact 660
gcagtggcac aaaggctact caatcctttg ttccagttt cacattctac tacttctgtg 720
ctagagaacg atgctctgtg agaggcattc actagtatga atgtggggat atagtgtata 780

```

DE 198 13 835 A 1

agacttattt	gcagtactgt	gttcttcagc	tagaggcagc	tttttaaata	atgcaagtgt	840	
atttatttagc	attaaaaatta	acatctcagt	aatcagcatt	agcatttctg	aggaccatta	900	
ttaattctga	gaacagaaat	tggtgccttg	caaggaagtt	tactagctct	atcaacaagc	960	
attcaagggt	acatctgcta	gcagagtagt	gttaggaacc	tgcccttact	ctcctctgac	1020	5
aatcgcaatt	ttttcttatt	ttttataaat	tcaagaagat	acacttggca	tcgtgtatcg	1080	
aggctaagtt	tttcatgcat	ttcccagact	acttatggag	aattgcagtt	taagttgctg	1140	
aaaagtatta	acatgggtatt	aagcttaaat	aatacgtaat	gggactagat	ggcccaactaa	1200	
gccactgtta	ttttccttcc	tctctggcag	ggcacttgat	ccattccaaa	gtcaaaaact	1260	10
ggactgaagc	taaatttgta	cttttcataa	tatacattct	gcttctggct	tatcttcttg	1320	
gtacatcaat	atattaattg	taaagtttat	tgtatagtat	ttaaccgctg	aagttcctat	1380	
tttatgttgt	gcttatgtga	accccttggt	gaaggccct	tttcttgga	tgtgtagtta	1440	
tatgatcttt	ttaaatgtac	agatattttg	ctataaaatc	ggtgcagttt	tttatggttt	1500	
ttacacttct	ctttaattcc	cacctaaagc	tctgggtaat	attgtaaata	ttgttttaaa	1560	15
atgcatcagc	ctatgctata	caatctgaat	gttattttaa	cttatagttt	tttttaatat	1620	
atatatttaa	ctataaggac	agtttaggga	acaagttacc	taccacattt	cacttttagtg	1680	
tacctattta	cagaagatt	aaactgccac	ctgcgggcac	attcccataa	atgtgtactt	1740	
tactttaaaa	agaacatgcc	acgattttgt	ctttctgtgg	actcaacatt	cacttcgatt	1800	20
aaaaatagca	atttgaccaa	gttggtactc	cactacaaag	cagctgtttt	ccaaagtcca	1860	
atgctgacat	atatgtatat	taaaataatt	gcctatttat	taatctacaa	atagacaacg	1920	
ttggcatggt	cttttctggt	tgtctattaa	tgggcctgct	tcttagcaat	attagaatgt	1980	
tttataaaag	caattcatgt	tacttttctg	gtcttttcat	ggcatatgag	caaataataa	2040	
actattttaca	ctactagaaa	gaaaagagaa	gaa			2073	25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 850 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59

ctattacaca	tgaggttttt	aatgtattta	gacctgacaa	taggggtgtc	acttagatgt	60	
gatctcagtg	ttgtgggtaa	ctttgtgtgt	ctttaattcg	aaatctggaa	catagatgat	120	
gattttttcc	tttgaattaa	cttaatgtgt	tctcttccct	acagatttca	gaacttatat	180	
ttccacctct	tccaatgtgg	caccctttgc	ccagaaaaaa	gccaggaatg	tatcgaggga	240	65
atggccatca	gaatcactat	cctcctcctg	ttccatttgg	ttatccaaat	caggaagaa	300	
aaaataaacc	atatcgccca	attccagtg	catgggtacc	tcctcctgga	atgcattgtg	360	
accggaatca	ctggattaat	cctcacatgt	tagcacctca	ctaacttcgt	ttttgattgt	420	

DE 198 13 835 A 1

gttggtgtca tgttgagaaa aaggtagaat aaaccttact acacattaaa agttaaagtt 480
tcttactaat agtagtgaag ttagatgggc caaacatca aacttatttt tatagaagtt 540
attgagaata atctttctta aaaaatatat gcactttaga tattgatata gtttgagaaa 600
5 ttttattaaa gttagtcaag tgcctaagtt tttaatattg gacttgagta tttatatatt 660
gtgcatcaac tctgttggat acgagaacac tgtagaagtg gacgatttgt tctagcacct 720
ttgagaattt actttatgga gcgtatgtaa gttatttata tacaaggaaa tctattttat 780
gtcgttgttt aagagaattg tgtgaaatca tgtagtgtca aataaaaaat agtttgaggc 840
atgaaaaaaa 850

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2091 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

aagagacaga ctattaactc cacagttaat taaggacgta tgttccatgt ttatttggtta 60
aagcagtgtg aatagccttc aagcatgtga ataacttcc atcttccccg ccgctttttg 120
tttctttcag gtagacacct tttaaaatgc agaactaact gaggcatttc agtaactttg 180
ctttcaaatc aataaagtca aatgtatgga aacattttgt gccctactct ccataccccg 240
50 tgtactcaaa ttctctactg tatgaattat gctttaagta gaattcagtg ccaaggagaa 300
cttggtgaaa taaattattt taattttttt tttatccttt acaaagccat ggattttatt 360
tggttgatgt gtgctctgta cacaagccat ttcaatagga tggagctgtt aattattttc 420
caaagagtaa tagacatgca aaagtttcaa taaaactgg gccattaaca aataaattaa 480
taaactaata agcattccct tctaggtttt tgccaaactg cctatccaat aacaaatttg 540
55 agaatcggtg aaaaagctag ttatatttca gagaaatgat ttccattatt gaaactgttc 600
tccctagcag gccattttcc ctttttctcg ggagtttagc aagtttagga gagaatagtc 660
atgaaaagaa agggaagaaa ggggagaagg gaagagggtta aaaagtaagt gctcagacct 720
atgaacgtaa tccctttgct agaaatattt aagagcagct cagcttggtt gaaactgagt 780
60 tttgtcatct tccatatttg caggaaggta tttctgact tgcaatgcag ctatagtgtaa 840
aatttttatt tatcatccta gaaagccttg actagaaaaa tgaataaata ttgagggttt 900
cctgtccata tctggcttgc atgtgccaga aagcagagaa tagaaaatgt aatctccaac 960
atccaagcat cgaaacccaa ggggtaggca attctatgta ggttttggac atgaagtttg 1020
gtgcatcttg gtttatgctg gctcaactgc tattaacact ctctggctta tagtctcttc 1080
65 attctattag acaagcacgt atcgaacact tgcttcgcac aaggctcttt agttaacaat 1140
ttagcagcta ctgtttgtgt taaacacact tttcaccaa taggttctga ggcaaacgag 1200
agcaatgact atttaaagaa aggctttccc agcatcactt acacatccca aaactaaaaa 1260
gatcaactct tccaactgag aaaagactcc tggttttgaa tggaaactta cagcagagag 1320

DE 198 13 835 A 1

tcacaggcca	cggcaacaac	aacgacaaca	acaaacattt	ggaatattat	tctcaactca	1380	
cgttttaata	atacatctta	ttatttttct	agtagagaaa	ctacaaatca	gcctcttcaa	1440	
catttatata	cagtttaata	agcctcttgc	aagttacttg	ttctctcacc	tgagggtattt	1500	
ttttcctccc	caccttgccc	ctgttcctcc	cttctctctc	tccctttgca	agaggaaata	1560	5
tttaacatat	ttgggtccaa	cttcaataat	gtaataatta	atacattaaa	agcatttaac	1620	
ttcctttcta	gaaaaatgca	caggctaagg	catagacaaa	acaaagagaa	atgctgagaa	1680	
atttgccact	ggagacaagc	aatctgaata	aatatttgcc	aaaagttctt	tttatgtcat	1740	
atagtgtcag	gatttgaagg	agctattttt	ttttaatggt	gcaactagca	actcatcttc	1800	10
ggaagacaca	gccaggagaa	tgaagtagaa	gtgaaagggt	tataaatcca	tttgtaagca	1860	
tttatcccat	atattttaaa	ttcaagaaaa	attgtgttta	tctttagaat	tttgatttca	1920	
atacttttatg	tactatgtga	ctcatgcttc	tggataaata	aagcaccaaa	tatgtatctg	1980	
taaccacaat	cacacatat	atattaaata	tatatctata	taacagccaa	aaaaaaaaaa	2040	
agaagagaag	aaaaagaaag	gagagggggg	gggagagaag	gggggggagg	t	2091	15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2952 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

ctcgtcccaa	accaggacac	cctctctaca	gtaaatacat	gcgtggggat	gtacttgtga	60	
tgctgaagca	gacggaaaat	aattacttgg	agtgccaaaa	gggagaagac	actggcagag	120	
ttcacctgtc	tcaaatgaag	attatcactc	cacttgatga	acatcttaga	agcagaccaa	180	
acgatccaag	ccacgctcag	aagcctgttg	acagtgggtg	tcctcatgct	gtcgttcttc	240	55
atgatttccc	agcagagcaa	gttgatgatt	tgaacctcac	ttctggagaa	attggtttat	300	
cttctggaga	agatagatac	agattggtac	agagggaact	gtagaaacca	gattggcata	360	
tttctgcca	actatgtcaa	agtgattatt	gatatcccag	aaggaggaaa	tgggaaaaga	420	
gaatgtgttt	catctcattg	tgttaaaggc	tcaagatgtg	ttgctcggtt	tgaatatatt	480	60
ggagagcaga	aggatgagtt	gagtttctca	gaggagagaa	ttattattct	taaagagtat	540	
gtgaatgagg	aatgggccag	aggagaagtt	cgaggcagaa	ctgggatttt	ccccctgaac	600	
tttgtggagc	ctgttgagga	ttatcccacc	tctggtgcaa	atgttttaag	cacaaaggta	660	
ccactgaaaa	caaaaaaaga	agattctggc	tcaaactctc	aggttaacag	tcttccggca	720	
gaatggtgtg	aagctcttca	cagttttaca	gcagagacca	gtgatgactt	atcattcaag	780	65
aggggagacc	ggatccagat	tctggaacgt	ctggattctg	actgggtcag	gggcagactg	840	
caggacaggg	aggggatctt	cccagcagtg	tttgtgaggc	cctgccccagc	tgaggcaaaa	900	
agtatgttg	ccatagtacc	gaaggggcag	gaaggccaaa	gccttatatg	atttccgagg	960	

DE 198 13 835 A 1

```

ggagaatgaa gatgaacttt ccttcaaggc tggagatata ataacagagc tggaaatctgt 1020
agatgatgac tggatgagtg gagaacttat gggaaaaatct ggaatatctt ccaaaaaacta 1080
catacagttt ctacagatca gctagaggag aagcttgtct gtgttccttg gcacaagaac 1140
5   tcacttgaac tatcaccttg actatcagat atgtttttgc actatTTTTT ttaactgaaa 1200
aagaaatata taagctgtac atggtacact agaattttct gaaagcagaa aacgttcaga 1260
ttttgtagtt aattttcatt acaatagaaa catgcacatg gaaacccatg agctaggatt 1320
ctaccgagga aaacatctag tgggattagc aaggtgaagg gaaagcatct ggtggcatgg 1380
10  cagcatgggg aggctcacac acagaagttg cacgtggaca tctgttttaa tcagcacaag 1440
tgaattaacc atgcttcttc atttttttac tttagttaaa aaaggaggaca tttaatattc 1500
tacatgctgt aactatcagg acatggttag caatctcaat ttcatttttg atattcaaat 1560
taattcttac agcttgagca tatcagcctt attaccagag caaatccttc cttcagatgg 1620
gatagtttac tgactagttg gagcatttgt aagcacatgg tgaaatcagc ccctgcccac 1680
15  caaaaataatc tttatgttac caagtgtatc ccatttgtct aaggatttga agggggtcta 1740
aattggatgt atcttagtct aaagaaccaa aaccatccct gaaatgcctt gctaatacaa 1800
ctaactcttc catatatgtg ccatacttat ttttttctc agtgtatact ttatgttaac 1860
agggttatta caaagcacat tttctgaatc tgcaatcatt cctttgacaa ttactggacc 1920
caaaggaaaa ttcatTTTTT ttgcattatt ccagtaatat ataaaaactg tgtcttgtaa 1980
20  tagtagtaca ttatgaatca catataaaat cttacaatac agaacaactg ttaagatgga 2040
aaacagtgcc aaacctccac agctcatttc tttgtaatat aatcagaatg aaaaaataatt 2100
taagaggaca gaagactggg acttttttgt tttatttttt ctctagctta tccctgcaca 2160
attattagag tgaatgaaaa accactttcc tgctttccat tgttataaat tctaagctta 2220
25  agataaaagt ggttctttac atgactgaat caattacaat ttatgggcta gagccaaata 2280
ggttgaagac aatcatccaa acagatcaat ggaatagaat ttcatggaa atgtaaaaca 2340
ctttcccaac aatggtcatg actttcttct gtttttgaga agagtttcat atgctggacc 2400
acatttttagc ttttattgtt ttttttttcc cattgtccaa aaagttaagc aacaagtggc 2460
cacactttta cgtgactaca acctggagtt ctgcaaagaa ggtaatatTT acttgggtctt 2520
30  tgactaaagt tatctcccca ttctatggtt acatTTTatt ttggactatg gggacttcta 2580
atacgttttg gtaaagaaga gagtataaag aaaattcttg tcaaatttca ctcaaaagta 2640
atttcatgag aaatcaatga tttaaagcat tatccaaatt aaattatcat ttgcagcaaa 2700
ctgtacaaca gcaggaagga tatggaatgg aacatgaggt atatatcttt gcctttataa 2760
35  ttttaacatc ttatatgaa gattctgaaa acctatcttt attagaggaa aatctcaatc 2820
ttcagttttg gccttctgtc accagaatga taagtgcaat agttgtaaat ctacttgaca 2880
ctgtaataaa ctgaactgaa ctttcaaaat ccctttctca tactagactg agttttttga 2940
gaatggaggt gg                                     2952

```

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2313 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

60

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

65

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

cataatagtt	aactctactt	actgttttaa	catacatttg	atttaacaaa	ttgttcagca	60	
taacacttct	aattaagttt	atcaagttgt	actgtattag	ataatcagca	gtgtatctgg	120	5
agtatgttta	aagagaacag	ttcgcaatac	aaaaagttac	atggagcttt	acatcttaac	180	
tttctttgtc	aattttaaag	caatgtataa	aaagtttatt	ttgctattgt	gaaaaactaa	240	
atgtaaagga	aatcacctac	tttcatgcag	gtgtataatc	ttgaaaagga	aaaatgcttc	300	
catgttgaag	ccagattttc	tgtagtataa	cttttaaata	ttatttttaa	agaaatatgt	360	10
atataaatat	ctctatatcc	tttggaatga	tactaaagtc	tctggtctag	gaccatacct	420	
tataataaag	tataagagac	catgacaatg	tctgaaaatg	gaatagataa	tgatgccttt	480	
tattttaaagt	ggccacacata	atatacattg	agtactccat	ctctccaaat	gtatttccat	540	
aatgtgttga	aaacatgcta	acatttgtat	gatttttata	cttctgccga	atagacttag	600	
aatcagatga	attgtctgtg	tgtcttgcaa	aagagttggg	gacaacttgg	gcaggcctat	660	15
gaagtgcata	gggagtgtat	gtcttctgaa	tggttttatt	gttcttgtaa	tctagcttaa	720	
agaaatgtta	actgggaggg	tgctgaggcc	actcactgca	ttaattttgt	gtgttttagag	780	
ttctgttgtc	aaaagaaaac	taatgaataa	attagtttgt	cattctagaa	tttaaagtcc	840	
taagattagt	ataaagagta	tatagattgt	taatccccac	cagctagact	ttgaacttaa	900	20
gtcagactta	aagatttgag	aaattatttg	tgtcatttac	tagacgtgat	tttagttct	960	
gtttgattat	atttcctaca	caaacttctt	atttaacagg	atagcctact	aaattaaatg	1020	
tttcttattt	cacttaactc	atttgattaa	actgtattct	aaaacatttg	gggtttttcc	1080	
ccctattcag	ttttaatctt	ggaatatgca	tttgtaaatt	gtgatgtcat	tgagactata	1140	
tttatatttg	acttggaac	attaacatgt	cctaaagact	agtgcagaga	agcttggcag	1200	25
tacgttcttt	gacttaagga	tggcataaaa	taatcatttt	tgaacctgtg	taataaagct	1260	
tgaagcagg	gaaaagaatt	tccttttccc	ccttttttgt	gttgtctata	ggaattaact	1320	
tgggattgtt	ttgtgggttt	ttgtttgttt	taaatgtaaa	ttgagaatct	tttataagaa	1380	
ataaaagcat	tattgggtgc	ctttgtttgt	aaacccaaaa	gtaataaatg	aatccctata	1440	30
tttccattat	agtattttat	gtatttttat	gttctgaaaa	ttacccatgg	aacaatatgc	1500	
ttaggattac	aggaagcagt	ccttacttac	acttcttgtc	tgttttaggt	gtacttggtt	1560	
attcttatgt	cctaattttt	tttaattctg	agttccttac	acagcatttt	agggaaagaa	1620	
tacaggcagg	atgacacttt	gtgttaaagt	gttattttta	tgtattacct	ggaatgaggc	1680	
agggtttttt	ctgttttcta	aaaagagtaa	ccaagatacc	tccagggtgt	cattgggttc	1740	35
cagctgctct	cctccacatt	gaatgatata	ttgttaattt	ataggcacat	ttgtggtaat	1800	
ttatatgtct	atagagtaag	tataagagat	aattcattag	taataggaat	taactgacct	1860	
cttttgatg	ggggagagca	tcaggctggg	gtcaggtaag	tgtaaattgg	cttctgagca	1920	
tgtctttcta	ggctgactcc	cagccctgac	ttgaaacat	tagcgctaac	ttgctctgtt	1980	40
ttgagaaaaa	ctttccaaac	ttttgcatga	gaaactagaa	aaaggaatgt	atgccacgta	2040	
actggattac	agaaatgagt	taattgtctc	tgtgataaaa	aaaaaaaaatg	aaatattttc	2100	
ttattgaatt	aataattttt	tcttgaagca	ttttctagt	atagaatgta	tttgtctttt	2160	
ttctgtgtg	tacctcttta	gcataatatc	ttgtatcct	taagatccta	aacaaatcat	2220	
ctttgtcagt	taagtatatg	tgcgcaaaaa	ttgttaaata	ctttgtcttt	attaaagaaa	2280	45
aatttgagta	acaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaa			2313	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1650 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63

```

15  ccgcggggct gggggagctc ggggagcctg cgggaccggg ggagcccgaa ggccaggggg 60
    atcccgcggc ggcgccaggg aggcggagga gcaggcgggt gaggcgaggc aggaagagga 120
    gcaggacttg gatggtgaga agggggccatc atcggaaggg cctgaggagg ggggacggag 180
    aaggcttctc cttcaaatac agccccggga agctgagggg aaaccagtac aagaagatga 240
    tgaccaaaga ggagctggag gaggagcaga gaactgaaga ataacgaagt tatccttagc 300
20  gtccctctaa aggcttttcc ttttggcatc ttaaaagctt gagagataaa acggaacccc 360
    cagagaggag tctgggcagg ctcccagggt gcatgctgcc tccataaatc tgctgagctc 420
    tagaccctca atcaggactt gtcccttggc tagcaggatc ctgggaacac ctttggccct 480
    gccctgtgta gagatgttca tgtctgttcc tgtgggtcac tttgttaagc tgaagagttt 540
25  taagaggtag agctcagacc ctggactggg atttttctta ccaactcaaac ttgctatcca 600
    cacaccctgc acaccttaga taaaaagaac attttaaaag cagagttcac tttcactcca 660
    gtctcccctc ttttgcctc actgaagcca aaccacagaa gactttgagg aatgagagac 720
    aaatgaggta gagctcacct gtgctcacca gctccgtcag ggtggtcagc cgaccccttt 780
    ccttggaac cccacttctc tctgtggctg gcttggttgt cgggggtgag atgccatatt 840
30  gattacaggg cagcaaagaa ccagtaccag gaatttactt gaccattccc cttatttttc 900
    atctagagga atctcggatt cagccctttc attgctaaga caccttttca ctgaggttct 960
    taccagctca gccaaatctc cactctgcta tagcagaagc aataatgttt gctttaaaaa 1020
    gatttcttga cctatgcctt ttcttagaaa gtttgataga ttagttagaa cttcagatca 1080
    tcagatcagt ctcaaaggg tttcttggaa ttttataatt gacaataatt atactatacc 1140
35  aaactcattt gcagttctta ggtttgttg ttaaaacatt tttttaaaag agtaagttaa 1200
    tagaaaatgt tttcatthaa tggaaggctg gggaaatgtc agcatcaacc cctatggcat 1260
    gcattcccag tggccttctc atctgggctt ggaacctttg gttcagggct taggggagaa 1320
    caggccacat ggcaacagcc acacagtcac tgccctcaac acagagccac gtgtcccaa 1380
40  acagcaatag tcatgccctt gtccaggctg ggatctaatt gatacaatag gtcgttgact 1440
    cctcctagt agagctatct aggtttgtct ggaaagtthc cgaccctggc ttataggcac 1500
    cacacctcat gtactcctca tggttggat ctctgtattc agcctttgtt cagtccaata 1560
    aactttgagt agatgatctc aaaaaaaaaa aaaaaaaaag gggagaaggg aagaaggaga 1620
    gggcacaag gcggaatggg ggtgagcttt 1650

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2851 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64

cgccccgcgc	cgccccgcgc	ctgtcagctc	cctcagcgtc	cgcccgaggc	gcggtgtatg	60
ctgagccgct	gccgcagccg	gctgctccac	gtcctggggc	ttagcttcct	gctgcagacc	120
cgccggccga	ttctcctctg	ctctccacgt	ctcatgaagc	cgctggctcg	gttcgtcctc	180
ggcgcccccg	gcgccggcaa	ggggaccagc	tgcgcccgca	tcgtcgagaa	atatggctac	240
acacaccttt	ctgcaggaga	gctgcttcgt	gatgaaagga	agaaccaga	ttcacagtat	300
ggtgaactta	ttgaaaagta	cattaaagaa	ggaaagattg	taccagttga	gataaccatc	360
agttttattaa	agaggggaaat	ggatcagaca	atggctgccca	atgctcagaa	gaataaattc	420
ttgattgatg	ggtttccaag	aaatcaagac	aaccttcaag	gatggaacaa	gaccatggat	480
gggaaggcag	atgtatcttt	cgttctcttt	tttgactgta	ataatgagat	ttgtattgaa	540
cgatgtcttg	agaggggaaa	gagtagtggt	aggagtgatg	acaacagaga	gagcttgga	600
aagagaattc	agacctacct	tcagtcaaca	aagccaatta	ttgacttata	tgaagaaatg	660
gggaaagtca	agaaaataga	tgcttctaaa	tctgttgatg	aagtttttga	tgaagttgtg	720
cagatttttg	acaaggaagg	ctaattctaa	acctgaaagc	atccttgaaa	tcatgcttga	780
atattgcttt	gatagctgct	atcatgacct	ctttttaagg	caattctaata	ctttcataac	840
tacatctcaa	ttagtggctg	gaaagtacat	ggtaaaacaa	agtaaatttt	tttatgttct	900
tttttttggt	cacaggagta	gacagtgaat	tcagggttaa	cttcacctta	gttatgggtgc	960
tcaccaaagc	aagggtatca	gctatttttt	tttaaattca	aaaagaatat	cccttttata	1020
gtttgtgcct	tctgtgagca	aaacttttta	gtacgcgtat	atatccctct	agtaatcaca	1080
acatttttagg	attttagggat	acccgcttcc	tctttttctt	gcaagtttta	aattttccaac	1140
cttaagtga	tttgtggacc	aaatttcaaa	ggaacttttt	gtgtagtcag	ttcttgcaca	1200
atgtgttttg	taaacaaact	caaaatggat	tctcaggagc	attttagtgt	ttattaaata	1260
actgaccatt	tgctgtagaa	agatgagaaa	acttaagctt	tgttttacta	caacttgtag	1320
aaagttgtat	gacagggcat	attctttgct	tccaagattt	gggttggggg	cactaggggt	1380
tcagagcctg	gcagaattgt	cagctttagt	ctgacataat	ctaagggtat	ggggcaagga	1440
tcacatctaa	tgcttgtgtt	ccttatactc	tattatatag	tgttattcat	gattcagctg	1500
atcttaacaa	aattcgtagc	agtggaaacct	tgaaatgcat	gtggctagat	ttatgctaaa	1560
atgattctca	gttagcattt	tagtaacact	tcaaaggttt	ttttttgttt	gttttctaga	1620
cttaataaaaa	gcttaggatt	aattagaaga	agcaatctag	ttaaatttcc	catttgtatt	1680
ttattttctt	ttcatagtta	tttgtttaaa	aagattttaa	aatcattgca	1740	
ctttggtcag	aaaaataata	aatatatctt	ataaatgttt	gattcccttc	cttgctattt	1800
ttattcagta	gattttttgt	ttggcatcat	ttgaagcacc	gaaagataaa	tgatttttaa	1860
aaggctatag	agtccaaagg	aatattcttt	tacaccaatt	cttcctttaa	aaatctctga	1920
ggaatttgtt	ttcgcccttac	ttttttttct	tctgtcacia	tgctaagtgg	tatccgaggt	1980
tcttaatatg	agattttaaaa	tcttaaaatg	tttcttattt	tcagcactta	catcatttgg	2040
tacacagggt	caaatagggc	aaataatttt	gtctttgtat	aatagatttg	atattttaaag	2100
tcactggaaa	taggacaagt	taatggatgt	ttttatattt	taatagaatc	atattttctt	2160
atgtgttatg	aaattcactt	aatgataaat	ttttcaacat	acttgccatt	agaaaacaaa	2220
gtattgctaa	gtactataac	atattggcca	ctaaaattca	tattgagatt	atcttggttt	2280
cttggaagag	ataggaatga	gttcttatct	agtgttgtag	gccagcaaat	acagaggtgg	2340
tttaattcaa	cagctctagt	atgaagcaag	agtaaagact	aaggtttcga	gagcatttct	2400
actcacataa	gtgaagaaat	ctgtcagata	ggaatctaaa	tatttatagt	gagatttgtga	2460
aagcaacctt	aaagttttga	agaagactga	tgagactagg	tgctttgctt	cctttcatca	2520
ggtatctttc	tgtggcattt	gagaacagaa	accaagaagc	atggtaatta	ctaaattatg	2580
aggctttgct	ttttgtttgc	ttttaagtag	gaaacacatt	tggcaacatt	gagttttgga	2640
gttgattgag	ataatatgac	tttaactagt	ttgtcattcc	atgtgttaaa	gatacagtca	2700
ccaagaatgt	tttgagtttt	ttgaaagacc	ccaatttaag	ccttgcttat	ttttaaatta	2760
tttccattca	gtgatgttgg	atgtatatca	attatttagt	aaataatctc	aataaatttt	2820
gtgctgtggc	ctttgctaaa	aaaaaaaaaa	t			2851

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1071 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65

attccaaaca	tggcggctcc	actagggggt	atgttttctg	ggcagccacc	cggccccct	60
caggccccgc	cgggccttcc	gggccaagct	tcgcttcttc	aggcagctcc	aggcgctcct	120
agaccttcca	gcagtacttt	ggtggacgag	ttggagtcac	ctttcgaggc	ttgctttgca	180
tctctggtga	gtcaggacta	tgtcaatggc	accgatcagg	aagaaattcg	aaccgggtgtt	240
gatcagtgta	tccagaagtt	tctggatatt	gcaagacaga	cagaatgttt	tttcttaciaa	300
aaaagattgc	agttatctgt	ccagaaacca	gagcaagtta	tcaaagagga	tgtgtcagaa	360
ctaaggaatg	aattacagcg	gaaagatgca	ctagtccaga	agcacttgac	aaagctgagg	420
cattggcagc	aggtgctgga	ggacatcaac	gtgcagcaca	aaaagcccgc	cgacatccct	480
cagggtcctc	tggcctacct	ggagcaggca	tctgccaaca	tccctgcacc	tctgaagcca	540
acgtgagcaa	agggcagagg	cagttggcct	atgagtgggc	tgatgcgtga	ggttggccac	600
acattccttc	ctgtggactt	gacattttgg	aagaactcct	tgccagataa	tgagttcatt	660
ttagttttat	gtcctcattg	aaaaattttc	cactattttt	ataagctggt	aatttcttga	720
gtactttata	acatgtctgt	agcttgata	aaccaagtaa	gtattttttt	tttgtcttta	780
gcgaagttaa	gactgtgaat	atgatgacac	agattccttt	ttatggtggc	tttgcttggt	840
ttaaattttt	gcatgacttt	tcatcttttt	atgtgtgttt	cctgtagttt	gatccgaagg	900
aaaagagtat	agtagcctga	gaatcaggag	atgggagttt	tagtcgtagg	ccttatgata	960
attacccccg	ggtggtgtgt	agaaaagtat	gtaaatttgc	tctgttttaa	gactttgaac	1020
tacctcaaga	agaggaatct	aatacaatat	ttgtaatgtt	tccagaaaaa	a	1071

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2375 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66

agcttgccaa	ttctgtaact	ccttgaggata	tcttgctgag	cttaattgca	gctgccactc	60	20
atgatctgga	tcatccaggt	gttaatcaac	ctttccttat	taaaactaac	cattacttgg	120	
caagctttata	caagaataacc	tcagtactgg	aaaatcacca	ctggagatct	gcagtgggct	180	
tattgagaga	atcaggctta	ttctcacatc	tgccattaga	aagcaggcaa	caaatggaga	240	
cacagatagg	tgctctgata	ctagccacag	acatcagtcg	ccagaatgag	tatctgtctt	300	25
tggttaggtc	ccatttggat	agaggtgatt	tatgcctaga	agacaccaga	cacagacatt	360	
tggttttaca	gatggctttg	aaatgtgctg	atatttgtaa	cccatgtcgg	acgtgggaat	420	
taagcaagca	gtggagtga	aaagtaacgg	aggaattctt	ccatcaagga	gatatagaaa	480	
aaaaatatca	tttgggtgtg	agtccacttt	gcatcgctca	cactgaatct	attgccaaca	540	
tccagattgg	ttttatgact	tacctagtgg	agcctttatt	tacagaatgg	gccaggtttt	600	30
ccaatacaag	gctatcccag	acaatgcttg	gacacgtggg	gctgaataaa	gccagctgga	660	
agggactgca	gagagaacag	tcgagcagtg	aggacactga	tgctgcattt	gagttgaact	720	
cacagttatt	acctcaggaa	aatcggttat	cataaccccc	agaaccagtg	ggacaaactg	780	
cctcctggag	gtttttagaa	atgtgaaatg	gggtcttgag	gtgagagAAC	ttactcttg	840	
actgccaagg	tttccaagtg	agtgatgcca	gccagcatta	tttatttcca	agatttcctc	900	35
tgttggatca	tttgaaccca	cttggttaatt	gcaagacccg	aacatacagc	aatatgaatt	960	
tggttttcat	gtgaaacctt	gaatatgcaa	agcccagcag	gagagaatcc	gaaaggagta	1020	
acaaaggaag	ttttgatatg	tgccacgact	ttttcaaagc	atctaactct	caaaacgtga	1080	
aaattgaatt	gttcagcaac	aattctcttg	aatttaacca	gtctgatgca	acaatgtgta	1140	40
tcttgtaact	tccactaagt	tctctctgag	aaaatggaaa	tgtgaagtgc	ccagcctctg	1200	
ctgcctctgg	caagacaatg	tttacaatc	aactctgaaa	atattggttc	taaattgcct	1260	
tgagcatga	ttgtgaagga	accactcaaa	caaatttaaa	gatcaaactt	tagactgcag	1320	
ctctttcccc	ctggtttgcc	ttttctctct	ttggatgcca	ccaaagcctc	ccatttgcta	1380	
tagttttatt	tcatgcactg	gaaactgagc	atttatcgta	gagtaccgcc	aagctttcac	1440	45
tccagtgccg	tttggcaatg	caattttttt	tagcaattag	tttttaattt	gggtggggag	1500	
gggaagaaca	ccaatgtcct	agctgtatta	tgattctgca	gtgaagacat	tgcatgttgt	1560	
tttcactact	gtacacttga	cctgcacatg	cgagaaaaag	gtggaatgtt	taaaacacca	1620	
taatcagctc	agggtatttg	ccaatctgaa	ataaaagtgg	gatgggagag	tgtgtccttc	1680	
agatcaaggg	tactaaagtc	cctttcgctg	cagtgaagtga	gaggtatgtt	gtgtgtgaat	1740	50
gtacggatgt	gtgtttgcgt	gcatgtttgt	gcatgtgtga	ctgtgcatgt	tatgtttctc	1800	
catgtgggca	aagatttgaa	atgtaagctt	ttattttatta	ttttagaatg	tgacataatg	1860	
agcagccaca	ctcgggggag	gggaagggtg	gtaggtaagc	tgtaacagat	tgctccagtt	1920	
gccttaaact	atgcacatag	ctaagtgacc	aaacttcttg	ttttgatttg	aaaaaagtgc	1980	55
attgttttct	tgtccctccc	tttgatgaaa	cgttaccctt	tgacgggcct	tttgatgtga	2040	
acagatgttt	tctaggacaa	actataagga	ctaattttta	acttcaaaaca	ttccactttt	2100	
gtaatttggt	ttaaattggt	ttatgtatag	taagcacaac	tgtaatctag	ttttaagaga	2160	
aaccgggtgct	ttcttttagt	tcatttgtat	ttcccttggt	actgtaaaag	actgtttatt	2220	
aattgtttac	agtttgttgc	aacagccatt	ttcttgggag	aaagcttgag	tgtaaagcca	2280	60
tttgtaaaag	gctttgccat	actcatttta	atatgtgcct	gttgctgtta	acttttgatg	2340	
aataaaaacc	tatcttttca	taaaaaaaaa	aaaaa			2375	

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1823 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

```

gtcaggataa ccttaaggat agatgaaggg ttgagagcct gtgcctcatt tctgagttct    60
cagctgctat gccgtggaac tcctgtttac tttctgcatc tgctcctgca agactctgga    120
gccagtcttg aggtcctaca tctccgaaag caagctcttc tagaagttga tagctttcca    180
atgattagac gaattgattc tttctgtgac tcatcagttc atttctgtga aaattcatgt    240
cttgctgttg atttgtgaat aagaaccaga gcttgtagaa accactttaa tcatatccag    300
gagtttgcaa gaaacagggtg ctttaacacta attcacctcc tgaacaagaa aaatgggctg    360
tgaccggaac tgtgggctca tcgctggggc tgtcattggg gctgtcctgg ctgtgtttgg    420
aggtattcta atgccagttg gagacctgct tatccagaag acaattaaaa agcaagttgt    480
cctcgaagaa ggtacaattg cttttaaaaa ttgggttaaa acaggcacag aagtttacag    540
acagtttttg atctttgatg tgcaaaatcc acaggaagtg atgatgaaca gcagcaacat    600
tcaagttaag caaagagggtc cttatacgta cagagttcgt tttctagcca aggaaaatgt    660
aaccaggac gctgaggaca acacagtctc tttcctgcag cccaatgggtg ccatcttcga    720
accttcacta tcagttggaa cagaggctga caacttcaca gttctcaatc tggctgtggc    780
agctgcatcc catactatc aaaatcaatt tgttcaaatg atcctcaatt cacttattaa    840
caagtcaaaa tcttctatgt tccaagtcag aactttgaga gaactgttat ggggtatag    900
ggatccattt ttgagtttggt ttccgtacct tgttactacc acagttgggtc tgttttatcc    960
ttacaacaat actgcagatg gagtttataa agttttcaat ggaaaagata acataagtaa   1020
agttgccata atcgacacat ataaaggtaa aaggaatctg tcctattggg aaagtcactg   1080
cgacatgatt aatgggtacag atgcagcctc atttccacct tttgttgaga aaagccaggt   1140
attgcagttc ttttcttctg atatttgagc gtcaatctat gctgtatttg aatccgacgt   1200
taatctgaaa ggaatccctg tgtatagatt tgttcttcca tccaaggcct ttgcctctcc   1260
agttgaaaac ccagacaact attgtttctg cacagaaaaa attatctcaa aaaattgtac   1320
atcatatggg gtgctagaca tcagcaaatg caaagaaggg agacctgtgt acatttctact   1380
tcctcatttt ctgtatgcaa gtccgtatgt ttcagaacct attgatggat taaacccaaa   1440
tgaagaagaa cataggacat acttgatat tgaacctata actggattca ctttacaatt   1500
tgcaaaacgg ctgcagggtc acctattggg caagccatca gaaaaaattc agtgagtctc   1560
ttgaaaatgg gtattttgat atgatctgta gtatcgtagt atcttcttgt aaggacatga   1620
gtaaatctat gtaagtaagt gggaataaca tctggatatca acttatcttt agcttaatgt   1680
caccaatcag tattaatatgc ttatgactaa tttcacagat tttggaatgg ttttatgggt   1740
ttattttgagc atttgatagc atctctgatt ttgttagctg cgcaaatatt tctatgacaa   1800
taattaattt ttggaattca tat                                     1823

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2403 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

tgaaactcct	gttttccgaa	gatcagcaag	gcggttctct	ggaacagctg	ctgcagaggt	60	
tctcatcaca	gtttgtgagc	aaaggcgact	tgcagacgat	gctgcgagac	ctgcagctgc	120	
agatcctgcg	gaacgtcacc	caccacgttt	ccgtgaccaa	gcagctocca	acctcagaag	180	
ccgtggtgtc	tgtctgtgagc	gaggcggggg	cgtctggaat	aacagaggcg	caagcacgtg	240	
ccatcgtgaa	cagcgccttg	aagctgtatt	cccaagataa	gaccgggatg	gtggactttg	300	
ctctggaatc	tgggtggtggc	agcatcttga	gtactcgtcg	ttctgaaact	tacgaaacca	360	
aaacggcgct	gatgagctcg	tttgggatcc	cgtctgtgta	cttctcgcag	tccccgcgcg	420	
tggatcatcca	gcctgacatt	taccccggtg	actgctgggc	atttaaaggc	tcccaggggg	480	
acctgggtgt	gaggctctcc	atgatgatcc	accagccgcg	cttcaactctg	gagcacatcc	540	
ctaagacgct	gtcgccaaca	ggcaacatca	gcagcgcccc	caaggacttc	gccgtctatg	600	
gattagaaaa	tgagtatcag	gaagaagggc	agcttctggg	acagttcacg	tatgatcagg	660	
atggggagtc	gctccagatg	ttccaggccc	tgaaaagacc	cgacgacaca	gctttccaaa	720	
tagtggaact	tcgatttttt	tctaactggg	gccatcctga	gtatacctgt	ctgtatcggg	780	
tcagagttca	tggcgaacct	gtcaagtga	gacactactc	attatttttg	tacatttttg	840	
tataactggg	gacagcgtga	aacactggaa	tccttcattg	acgaggcat	ataaatgat	900	
gggacagtgc	cacactcctt	caataaacgt	ggctgctggc	cagaggacgt	gagcgtgtga	960	
cgggcgcctt	ggcgccacct	gttgggtgct	cactgcctct	gcaggtgcag	aggggtcagc	1020	
agcaggagaa	gcgtgttgaa	cacgtggctc	tcagacactc	cttgttttta	acgggaagct	1080	
ctttgcattt	gcatttcctc	aacaaaggag	caaagcagag	gaagctgaga	gtctggcgtg	1140	
ttcttgacgc	tttgggtctt	agccttgcac	tggtctctct	aaaggacttt	tggagggcag	1200	
ataatttcac	ctgttaaatc	caacacacat	ttctttcagg	gaaaaacaat	gtcaccaaat	1260	
tttcagagtt	ctaaactcct	ttccttcaag	ccggaatttt	ccttttttca	gcaccagtag	1320	
gtactaaagt	tccagatggg	gaaataacta	aaatgtgttt	ttctgctttg	ttcgctctta	1380	
cttctgagga	aggtttccag	tcaggactcg	ctgtaccaat	atccatggag	gaatatggga	1440	
gcgtttcgct	ctcctttag	gctgaagtca	gtctgacttg	aaggggcctg	gtttggatct	1500	
aagcaaacac	ccagatgggg	ttctctggtc	tcagcaaggc	ttttcctgtt	gggagtcaca	1560	
gtaaacagaa	acccaaaaat	ctcatcttgg	gtgttttcag	ggcttgtttt	gagttttgct	1620	
gaataggagg	cgcaagacgc	cctgagcctc	cctctcactg	gtgggtataa	gaggagccgt	1680	
ctggtgtgtc	agggtcacga	acccgttaca	tttcaggacg	atcctttttc	cttcagcagc	1740	
atttcttact	ggctgtggct	ggaatctgcc	ttttatcaca	gctgtcacca	ttctcacgtg	1800	
attcttgtga	gactcttttt	ggttataaatt	actatttaatt	atttagacta	ttttactgag	1860	

```

cagactttat aaatgagata tctacaaggc acttaaagtg ttacagatgt tttaccttaa 1920
gaattattta agttgtgttg gggttaagaca gttttcagtg taccgtaaat gttgtgtttt 1980
cagaaaaaga caaaacgatg gtgctgactg gttttctgta tattgcacaa cagtcctcaa 2040
5 atacactgat gtatgaaact attcatacat caagcagcat ttttttcaact ctccttagaa 2100
ttggaactat gcagttaagg cagataaaat gtacagatgt ttcataatatt acaggttaca 2160
tatataaatc aaaatttcct atataaaact gatttgggat ttgggggtgga aatattttga 2220
atattaattt atttttaaag atgcaagata ggactttgtg caatgtattt ttgtaaatgc 2280
ttttcaaaat atctgtcttt ggtagtgtct ctgctgtctgc caccaaattg ataagatgct 2340
10 attaagaggt ttaataaag agttttaatt tttaaaaggg aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2400
aaa

```

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 1246 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

```

actaagattt tatgttggag atacttcttt aaataaccta cagcttgggt ctatggcttg 60
50 tgacccccag attcatggag gggcttttagc aatcagcttt gtacatcatc atttttctga 120
atgaccaatc ccactaaaca tctttgaagt cggcctagag aggtccttca gatgattcag 180
aaatagctgg cttgtctgag tccagatttc tcatcaactg gcaatacaaa ggaaaatattg 240
gtacaggagt tagttagaaa ggtcttattg attttacttc tacttttcac tacagttaca 300
ggtagaatac ttaggaagt cagtgaagg tgcattgttg attgatagat attgattggt 360
55 tttcagtcctc tggggtcagt tttgtgggtt ctgctttctt gcctaaatca aagactattt 420
caagtcaaca aactgaaaa ctgctttctg cctccactct tacagctgtg cctaataata 480
attaattaat aaacgcacag ccctatgtga acagacagga atttcttctg caatgtggag 540
caaatggaat ggtctccttc cgcaagtctt tttaatcctc atatctggag tacaagggta 600
60 gacctctggc ttaccacata cactatgcta aagtcacag ccactgctac tacatcttgc 660
cagaagggtt ccctcgccaa caaacagttg aaatttaagg gaagaagcaa aagctaaact 720
gtctttgacc ctaagataga tagaaagcta tttattgttc ttcagtgttc aaggcatgac 780
tagtatttct aattagccta ataaattccc acactttctg aagtgaacac taatgggtatt 840
gtcctactaa aactgtcatt gtttcttttt ttttaactgg tcagtcattc acaataagct 900
65 atgagggtaa ataaatatgt gttataacaa gtaaacgta gttgcaagaa tataccatga 960
agattaaagt aggctgggtt tcatttccat cttcccacac atctcattga atttgatggt 1020
tgacttaatt ggcaccataa ctttgatga tattatacat taacctttat ttatgtaaag 1080
taaatgcct tatatattaa agagtaagtg caataatatg aaatagcctg tacattttta 1140

```


DE 198 13 835 A 1

aaatgttgtc accaagttat ataaatccac atctctgtaa acaacctttt ttaagtaatt 1200
ttaaaaaaaaa taaacactct gcttactact tgaaaaaaaa aaaaaa 1246

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2939 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70

gtccatctct	tgggatacag	ccttggagcc	catgctgctg	gcattgcagg	aagtctgacc	60	
aataagaaag	ttcaacagaa	ttactggcct	cgatccagct	ggacctaaact	ttgagtatgc	120	40
agaagccccg	agtcgtcttt	ctcctgatga	tgcagatttt	gtagacgtct	tacacacatt	180	
caccagaggg	tcccctggtc	gaagcattgg	aatccagaaa	ccagttgggc	atgttgacat	240	
ttaccggaat	ggaggtactt	ttcagccagg	atgtaacatt	ggagaagcta	tccgcgtgat	300	
tgcagagaga	ggacttggag	atgtggacca	gctagtgaag	tgctcccacg	agcgctccat	360	45
tcctctcttc	atcgactctc	tgttgaatga	agaaaatcca	agtaaggcct	acaggtgcag	420	
ttccaaggaa	gcctttgaga	aagggctctg	cttgagttgt	agaaagaacc	gctgcaacaa	480	
tctgggctat	gagatcaata	aagtcagagc	caaaagaagc	agcaaaatgt	acctgaagac	540	
tcgttctcag	atgccctaca	aagtcttcca	ttaccaagta	aagattcatt	tttctgggac	600	
tgagagtga	acccatacca	atcaggcctt	tgagatttct	ctgtatggca	ccgtggccga	660	50
gagtgagaac	atcccattca	ctctgcctga	agtttccaca	aataagacct	actccttctt	720	
aatttacaca	gaggtagata	ttggagaact	actcatgttg	aagctcaaat	ggaagagtga	780	
ttcatacttt	agctggtcag	actggtggag	cagtcctggc	ttcgccattc	agaagatcag	840	
agtaaaagca	ggagagactc	agaaaaaggt	gatcttctgt	tctagggaga	aagtgtctca	900	
tttgcagaaa	ggaaaggcac	ctgcggtatt	tgtgaaatgc	catgacaagt	ctctgaataa	960	55
gaagtcaggc	tgaaactggg	cgaatctaca	gaacaaagaa	cggcatgtga	attctgtgaa	1020	
gaatgaagtg	gaggaagtaa	cttttacaaa	acatacccag	tgtttggggg	gtttcaaaaag	1080	
tggattttcc	tgaatattaa	tcccagccct	acccttgtaa	gttatttttag	gagacagtct	1140	
caagcactaa	aaagtggcta	attcaattta	tggggtatag	tggccaaata	gcacatcctc	1200	60
caacgttaaa	agacagtggg	tcatagaaag	tgctgttttg	tcctttgaga	aagaaataat	1260	
tgtttgagcg	cagagtaaaa	taaggctcct	tcattgtggc	tattggggca	tagcctataa	1320	
ttggttagaa	cctcctatct	taattggaat	tctggatctt	tcggactgag	gccttctcaa	1380	
actttactct	aagtctccaa	gaatacagaa	aatgcttttc	cgcggcacga	atcagactca	1440	
tctacacagc	agtatgaatg	atgttttaga	atgattccct	cttgctattg	gaatgtgggc	1500	65
cagacgtcaa	ccaggaacat	gtaacttgga	gagggacgaa	gaaaggggtct	gataaacaca	1560	
gaggttttaa	acagtcccta	ccattggcct	gcacatgac	aaagttacaa	attcaaggag	1620	
atataaaatc	tagatcaatt	aattcttaat	aggctttatc	gtttattgct	taatccctct	1680	

	ctcccccttc	ttttttgtct	caagattata	ttataataat	gttctctggg	taggtgttga	1740
	aaatgagcct	gtaatcctca	gctgacacat	aatttgaatg	gtgcagaaaa	aaaaaaagaa	1800
	accgtaattt	tattattaga	ttctccaaat	gattttcatc	aattttaa	cattcaatat	1860
5	ctgacagtta	ctcttcagtt	ttaggcttac	cttggtcatg	cttcagttgt	acttccagtg	1920
	egtctctttt	gttcctggct	ttgacatgaa	aagatagggt	tgagttcaaa	ttttgcattg	1980
	tgtgagcttc	tacagatttt	agacaaggac	cgtttttact	aagtaaaagg	gtggagaggt	2040
	tcctggggtg	gattcctaag	cagtgccttg	aaaccatcgc	gtgcaatgag	ccagatggag	2100
10	taccatgagg	gttgctatatt	gttggtttta	acaactaatc	aagagtga	gaacaactat	2160
	ttataaaacta	gatctcctat	ttttcagaat	gctcttctac	gtataaatat	gaaatgataa	2220
	agatgtcaaa	tatctcagag	gctatagctg	ggaacccgac	tgtagaaagta	tgtgatattct	2280
	gaacacatac	tagaaagctc	tgcatgtgtg	ttgtccttca	gcataattcg	gaagggaaaa	2340
	cagtgcagta	agggatgtat	tggaacatgt	cggagtagaa	attgttcctg	atgtgccaga	2400
15	acttcgaccc	tttctctgag	agagatgata	gtgcctataa	atagtaggac	caatgtttgtg	2460
	attaacatca	tcaggcttgg	aatgaattct	ctctaaaaat	aaaatgatgt	atgatttgtt	2520
	gttggcatcc	cctttattaa	ttcattaaat	ttctggattt	gggttgtagc	ccagggtgca	2580
	ttactttaaa	agattcacta	aagcagcaca	tagcactggg	aactctggct	ccgaaaaact	2640
	ttgttatata	tatcaaggat	gttctggcct	tacattttat	ttattagctg	taaatacatg	2700
20	tgtggatgtg	taaagggagc	ttgtacatat	tggaagggtc	attgtggcta	tctgcattta	2760
	taaagtgtgtg	gtgctaactg	tatgtgtctt	tatcagtgat	ggtctcacag	agccaactca	2820
	ctcttatgaa	atgggcttta	acaaaacaag	aaagaaacgt	acttaactgt	gtgaagaaat	2880
	ggaatcagct	tttaataaaa	ttgacaacat	tttattacca	caaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	2939
25							

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1950 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

60	ggggtcgcgg	gccctgattg	cgccgtttcc	ccgcgcagag	ctcgccggcg	ccccgacggg	60
	ccccggagca	ggggcccccg	gccggccccg	cctcagcctg	gagctccagc	taccacatg	120
	caccttacct	gggttcgcc	cggctcctga	gtccccacaa	aatggctgat	ggaggaagc	180
	ccttcctagg	tcggaggagc	tttgtctacc	cttctcaac	ccgagaccct	agtgcctcta	240
	acggaggggg	cagcccagcc	aggagggaag	agaagaagag	aaaggccgcc	aggctcaagt	300
65	ttgacttcca	ggcgcagtcc	cccaaggagc	tgactctgca	gaagggtgac	attgtctaca	360
	tccacaagga	ggtggacaag	aactggctgg	aggagagca	ccacggccgc	ctgggcatct	420
	tcctgctaa	ttatgtggag	gtgctgcccc	cagatgagat	ccctaagccc	atcaagcccc	480

```

cgacctacca ggtgctggag tatggagagg ctgtggccca gtacaccttc aagggggacc 540
tgagggtgga gctgtccttc cgcaagggag agcacatctg cctgatccgc aaggtgaacg 600
agaactggta cgagggagcg atcacgggca cggggcgcca aggcataatc cctgccagct 660
acgtgcaggt gtctcgtgaa ccccggtctc ggctctgtga cgacggcccc cagctcccca 720
cgtctccccg cctgaccgct gccgcccgtc cagcccgtga ccccgcgcc ccctcagccc 780
tgcgagcccc agctgacccc accgacttgg ggggacagac ctccccccgt cgcactggct 840
tctccttccc caccagggag cctagacccc agacccagaa tcttggcacc cctgggtccag 900
ctctgtccca ctctcgaggt cccagccatc ccctggacct ggggacctcc tctcctaaca 960
cctctcagat aactggacc ccgtaccggg cgatgtacca gtacaggccc cagaacgaag 1020
acgagctgga gctgcgag ggggacaggg tggatgtcat gcagcagtgt gacgatggct 1080
ggtttgtggg tgtctcccgg aggacccaga aattcggaac gttccctgga aattacgttg 1140
ccccggtgtg agtgggtctc atggcaactt ggagccagcc aggatggggg ggggagcggg 1200
ggcactcgtg ggagggagag gacccccgcc cacatcctcc ttccccagga cctgagctcc 1260
cagcatctgc agacgacccc cgcagcattt ccctcgagc cccctcgaag ccccctggac 1320
tgattcccac ccacgactca caggcattcc tcccacagcc ctttcatttc ctccccaccc 1380
cactccccaa atacagaggt ctgctttgaa gcggagacca tttccaggcc ttattgagac 1440
cagaccccaa gtccccacc cccatcctgc tccagcgttt cctctaacag ggaccagctc 1500
tccgctttgc ccccacgggg ttctctaac cagaaccagc ttcttagcct cgtagagacc 1560
aaaggccgcc cccgcctgct ggggttcctc ccagcaccac agcttgctgg ctgccctctt 1620
tgctttcttg cctccagctg ggtgtggggg gcgggacaag gcgggggaca gacgcagcac 1680
cttcttagcg atctaggcct ggcaagagct ctggcccaa ggccctctct tcccaggggc 1740
tgccaagtcc tgccctggc cctggcatat caccgcgac tgtggggcca ggcaccacta 1800
gcctggctca aatattcccc agggagactg ctgtgtgctg ccgcctgcc tgctggctct 1860
ccccagccc cacatcccct ctggaagaga atgtaaaata aacctggaca caagggaag 1920
aaaaaataag attggggggg aggaaaaaaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 814 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

```

cgggggcgag ccgggcctgc gcggtagtgg gacccgaccc tgtctccagt gggcgtcttg 60
ggccccggct ctattctggg ctgcgggcct ggggaagggt cgccgggtgc caaatgagct 120
gtcctaactc tgccgggctg cagcttctct catgatgctg gggagcttgg gcctgaccc 180
aggatctaga aggcactctg ggcaggccgc gctccgcccc cgaaggtacc caaccctctg 240

```

DE 198 13 835 A 1

ggatagatgc aggaagcgaat ggttaagacc cattttcacc caacttctcg ccgcagtcgt 300
 gcttaccaca cgctcctccc cattcccagt gagccgcttt ttgcagcacc aggcgaacac 360
 ttacaccagt gctttgtaaa ggaatcttat tgtccacccc gtgtcttggc aaaagaacag 420
 5 tgatcacaca gattcctact tgggctcttt cctttaatct tcggaggctg agtttgccca 480
 actcagggtt aaccaccaag gactctgaga gctggcaggt ctgagtaacc ctggttaaca 540
 ttctcttcac cttatcaaaa cctgagctaa aaccaatgca tcagctgatg atgacagcag 600
 agagtggcag ggctgaggac ccaaagtcatt ttcccaggct ggcgggagaat aaactgccag 660
 10 ggagaagaat gagaagacag gagacaaact gtttggaag cttaaattctt cctcttaattg 720
 aataaagggtt tttgccttgt cttaaaaaat aacaggaaga agcagggaaa aataaataac 780
 ttatggtaat ctggaattgt attttgtaat atta 814

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 3216 Basenpaare
 20 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

ttccggcaact ggtggaggga gcctcgggtg gctgtgggag cgggggggga cagtgccccg 60
 ggaaccgggt gggtcacaca cagcactgc gcctgtcagt agtggacatt gtaatccagt 120
 50 cggcttggtt ttgcagcatt cccgctccct tccctccata gccacgctcc aaacccagg 180
 gtagccatgg ccgggtaaag caagggccat ttagattagg aagggtttta agatccgcaa 240
 tgtggagcag cagccactgc acaggaggag gtgacaaacc atttccaaca gcaacacagc 300
 cactaaaaca caaaaagggg gattggcggt aaagtggag ccagcagcaa aaactacatt 360
 ttgcaacttg ttggtgtgga tctattggct gatctatgcc tttcaactag aaaattctaa 420
 55 tgattggcaa gtcacgttgt tttcagggtc agagtgttt ctttctgtct gctttaaatg 480
 gaaacagact cataccacac ttacaattaa ggtcaagccc agaaagtgat aagtgcaggg 540
 aggaaaagtg caagtcatt atgtaatatg gacagcaaag ggaccagggg agaggcattg 600
 ccttctctgc ccacagtctt tccgtgtgat tgtctttgaa tctgaatcag ccagtctcag 660
 60 atgccccaaa gtttcgggtc ctatgagccc ggggcatgat ctgatcccca agacatgttg 720
 aggggcagcc tgtgcctgcc tttgtgtcag aaaaaggaaa ccacagtga cctgagagag 780
 acggcgattt tcgggctgag aaggcagtag ttttcaaaac acatagttaa aaaagaaaca 840
 aatgaaaaaa attttagaac agtccagcaa attgctagtc aggtggaatt gtgaaattgg 900
 gtgaagagct taggattcta atctcatgtt ttttctttt cacattttta aaagaacaat 960
 65 gacaaacacc cacttatttt tcaaggtttt aaaacagttc acattgagca ttgaaagggt 1020
 gtgctagaac aaggtctcct gatccgtccg aggtgtctt ccagaggagc agctctcccc 1080
 aggcatttgc caaggagggc ggatttccct ggtagtgtag ctgtgtggct ttccttctctg 1140
 aagagtccgt ggttgcccta gaacctaca cccctagca aaactcacag agctttccgt 1200

```

ttttttcttt cctgtaaaga aacatttcct ttgaacttga ttgcctatgg atcaaagaaa 1260
ttcagaacag cctgcctgtc cccccgcact ttttacatat atttgtttca tttctgcaga 1320
tggaaggttg acatgggtgg ggtgtcccca tccagcgaga gagtttcaaa agcaaaaacat 1380
ctctgcagtt tttcccaagt accctgagat acttcccaaa gcccttatgt ttaatcagcg 1440
atgtatataa gccagttcac ttagacaact ttacccttct tgtccaatgt acaggaagta 1500
gttctaaaaa aaatgcatat taatttcttc ccccaaagcc ggattcttaa ttctctgcaa 1560
cactttgagg acatttatga ttgtccctct gggccaatgc ttatacccag tgaggatgct 1620
gcagtgaggc tgtaaagtgg ccccctgcgg ccctagcctg acccggagga aaggatggtg 1680
gattctgtta actcttgaag actccagtat gaaaatcagc atgccgcct agttacctac 1740
cggagagtta tcctgataaa ttaacctctc acagttagtg atcctgtcct tttaacacct 1800
tttttgtggg gttctctctg acctttcatc gtaaagtgtg ggggacctta agtgatttgc 1860
ctgtaatttt ggatgattaa aaaatgtgta tatatattag ctaattagaa atattctact 1920
tctctgttgt caaactgaaa ttcagagcaa gttcctgagt gcgtggatct gggctctagt 1980
tctggttgat tactcaaga gttcagtgtc catacgtatc tgctcatttt gacaaagtgc 2040
ctcatgcaac cgggccctct ctctgcggca gagtccctag tggaggggtt tacctggaac 2100
attagtagtt accacagaat acggaagagc aggtgactgt gctgtgcagc tctctaaatg 2160
ggaattctca ggtaggaagc aacagcttca gaaagagctc aaaataaatt ggaaatgtga 2220
atcgcagctg tgggttttac caccgtctgt ctccagagtc caggaccttg agtgtcatta 2280
gttactttat tgaaggtttt agaccatag cagctttgtc tctgtcacat cagcaatttc 2340
agaacaaaaa gggaggctct ctgtaggcac agagctgcac tatcacgagc ctttgttttt 2400
ctccacaaag tatctaaca aaccaatgtg cagactgatt ggcctggtca ttggtctccg 2460
agagaggagg tttgcctgtg atttctaat tatcgctagg gccaaggtgg gatttgtaaa 2520
gctttacaat aatcattctg gatagagtcc tgggaggtcc ttggcagaac tcagttaaat 2580
ctttgaagaa tatttgtagt tatcttagaa gatagcatgg gaggtgagga ttccaaaaac 2640
attttatttt taaaatatcc tgtgtaacac ttggtctctg gtacctgtgg gttagcatca 2700
agttctcccc aggtagaat tcaatcagag ctccagtttg catttggtg tgtaaatcac 2760
agtaatccca tttcccaaac ctaaaatctg tttttctcat cagactctga gtaactggtt 2820
gctgtgtcat aacttcatag atgcaggagg ctccagtgat ctgtttgagg agagcaccct 2880
aggcagcctg cagggaataa catactggcc gttctgacct gttgccagca gatacacagg 2940
acatggatga aattcccggt tcctctagtt tcttctgtg gtactcctct tttagatcct 3000
aagtctctta caaaagcttt gaatactgtg aaaatgtttt acattccatt tcatttgtgt 3060
tgttttttta actgcatttt accagatgtt ttgatgttat cgcttatgtt aatagtaatt 3120
cccgtagctg ttcattttat tttcatgtct tttcagccat gtatcaatat tcacttgact 3180
aaaaatcactc aattaatcaa taaaaaaaaa aaaaaa 3216

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 747 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

```

5  tgggcacgcc cggcccggtac cccggcccgcc tgctgcgcgc gcccgaggcc ccgcccgtgg 60
   agagcgccga gccgctgggg cccgcggccg atctgtgggc cgacgtggac ctcaccgagt 120
   tcgaccagta cctcaactgc agccggactc ggcccgcgcg ccccgggctc ccgtaccacg 180
   tggcactggc caaactgggc ccgcgcgcca tgctctgccc agaggagagc agcctgatct 240
   ccgcgctgtc ggacgccagc agcgcgggtct attacagcgc gtgcatctcc ggctaggccg 300
10 ccgcgcgcgc ccgggtccct gcagcgcttc ctccgcgcgc ccccgcgacc gatccgaccg 360
   cgtcgtctgc gctctgctct ctcatacgcg tgtatgtttg gttccatgtc acagccccct 420
   aggagccagt gatgctcggc cttgcgcccg ttccacctcc caggccaccc ttcctgggct 480
   tctgggccac ctgccctcgg ggggcccctg cgagggtgcc tggagtccc acgtgtcccg 540
   gggcttttcc aggaagccc agcccaggac ctgttgccag agttgccagg gttacatttt 600
15 tgaagcacct gctccttttc ttgcagtgtt ttttctacaa ccagattgta ttaatatatt 660
   ttacttttgc cttttaaaaa atatacctaa tacaatatat ttaattttta attaaactct 720
   taaacttttc ttccaagaga aaggagc 747

```

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2419 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

```

55 cttttgccac ccagtaccgg atagtggacc tgctggtgga agccgcgggg cccggccagg 60
   gatcgctgca tggaaattct ggtggagcct gtccccaagg aagggttccg ggtacctcag 120
   gccgagtggg gcagggcagt tctgctttat tcagcccctg catgagcggg tgctaaggcc 180
   ggggtggtctc ctggcctcgg gctgaggcct cttcccggtc gtctgcccct ggctgcgct 240
   ggacctgcta agtggcccac agtggcagcg aggtcccgtt cccggggctg ggggtggaga 300
60 ccccgggctg agtgctgttg ctttctggtg gggggcgatg gaaacaggaa accaagcagt 360
   gggatcgtag cgttggtcac tgcgaggcga gtggcgggct ttctgtttct gccttgctcc 420
   tccccacggt acctggttcc caggtgaaaa tgaaaggagg ggagaagttg agaacagAAC 480
   attccataaa ggataatttc taataggctg caagatgctg atgccagaga tgatgatttt 540
   ctttctgca gatgaaacta ttagaaaggg tcttagattg tggcaggtag gctttggagc 600
65 aggcgcccag acatttctga gcatgaggac gagctacagc agctcctggg gtggggctgc 660
   ctgcccggatg gcgggagagg atgccctgga gaaccgtcct ccagtggtgg aaggcccttt 720

```

DE 198 13 835 A 1

```

tccctgagga gtgggcattc tgggccagcc ggcgctggct tcgtgcctcc acgtggggcca 780
gccccagctg ctccgtgttt cctggcgttg gcaatttact gtgctgctga gtgtgaggtc 840
atctccggag cgttttcagc agcccctggc tctgcggcgt ctcttcgggg ctgtgggcat 900
gcaggggaagt ggctgtgagg cagtctgcgc tgtggccctg cctctgcccc gcgagaggcc 960
gtgggctctg gacaagccgc ccttcaggct ggggtagcag gtcagtccag gcaggaagca 1020
gcacctgccc cccgcgccag cccagcccca gcctgagtgc aggagctgca ggaccgcgg 1080
gggcttttcc agctactctg ttccttcacg tctcccttc tcagcctcgt ccaagcaccg 1140
ggaagacctc caggctgacc ccttgagcag cagtcaaac aggtgcgtgg gggcgtgagg 1200
gaggcagggt cttcaccaca ggcccttcc tctgtccttc ctgctcttcc ttctctgccc 1260
aggccgctgc agctgcacag cctctgctac acctgggctg cctgggaggc ttcttggtgt 1320
ggtgtctgga cccacggcc ttgggtcatc ctgtggctgg tctggggtgg ggtctgttgt 1380
ggtccttcca cgggtgcagt ggctgaagt ccctcgttt tggggggggg gtctctcacc 1440
cccaggccac atagggccag tggtaggggt tccctctatg tcgggcagtg ctgagggctg 1500
ggatgctctg tgacccagc tggagccac acctaaaggc tggcatccac atcatttcac 1560
cctgcagtga gggaagaggc caccaggtgg cagcacagcc acaccgctc ccacgtcaga 1620
ggagggcaag gctgggtact cagcagccac tctgagccgg ggctccttc aggagctgaa 1680
atccacctgt ctccatcttc cttgcctgcc tgggtactca tgccaagcag agactgggat 1740
taggggttct gtgctcttgc ctaattagga acattctccc atgtctcttg tgtggtccca 1800
gaaggagaag tgagtttgcc aaggatatgg ggcaggaggc tccctctgct gacccctgc 1860
agcctggagc cagcccgggg actgtcctgg gtggagggca ggtgaacaca agctgctgcc 1920
ggggactgtc ctgggtggac ggaggtgaa cacaagcggc tggcgcagt agccactcac 1980
tcgacttttt ttcagctgtg accattcctg ggagctcttt gagcctttct gtctcatttg 2040
gaaccagggg gaaccaggaa ggggctcctg gcctctctgt gtctctgca gtgggggttg 2100
tggggggcgc agatccacgc cttgctgccc ttctttcatg aagtctgttt ttttaagtgt 2160
ggttcccccg aatattttat gcagaggagg gaaaatttat agtggcaatt attttctcac 2220
agtctggtga gcaggcaatt aattaggagt aaggggcct agtagagcgt ggcgtgtggc 2280
agaatcgcac cggccgggct cccagcccca ccgccatgca gggctcgcgt gcgggaaaac 2340
taatatgccg gcgtttaagc ctgtgcccct ctgtgggtg taactgcgct gaaataaatg 2400
atctgacaat gtgaaaaaa 2419

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

- (A) LÄNGE: 366 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77

```

IASARLEEV T GKLQVARNLI MRGTEMCPKS EDVWLEAARL QPGDTAKAVV AQAVRHL PQS 60
VRIYIRAAEL ETDIRAKKRV LRKALEHVPN SVRLWKA AVE LEEPEDARIM LSRAVECCPT 120
SVELWLALAR LETYENARKV LNKARENIP T DRHIWITA AK LEEANGNTQM VEKIIDRAIT 180
SLRANGVEIN REQWIQDAEE CDRAGSVATC QAVMRAVIGI GIEEEDRKHT WMEDADSCVA 240
HNALECARAI YAYALQVFPS KKS VWLRAAY FEKNHGTRES LEALLQRAVA HCPKAEVLWL 300
MGA KSKWLAG DVPAARSILA LAFQANPNSE EIWLAAVKLE SENDEYERAR RLLAKARTVP 360
PPPGCS 366

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

- 5 (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

25

MRTSKFILFI FSDVGNGLGF KRELEEGMFD SHRRFLQQMP LLAISHFFPQ ILPTEAQFT 60
VS 62

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

- 35 (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

55

RPRLYKAKRK TTNGVVLCCI ALHKIRNRCL TIEFVFCEF

39

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

60

- (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80

KTPSLQSKTK NNKWSCAMLY CFAQN

25

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81 :

(A) LÄNGE: 29 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

40

DPVSTKQNEK QQMELCYVVL LCTKLGTGV

29

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

45

(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

65

PKRRVSDTSS GPTPCMEPIL GRTHYSQLRK KS

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

- 5 (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

25 LGQDSHQHIT HVLLGREKQY IPVERSQSIG GRNVVKGGRG YAAAPSVPEV AVIP 54

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

- (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
35 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

55 GDQAHREQGK EQAMFDKKVQ LQRMVDQRSV ISDEKKVALL YLDNEEEEND GHWF 54

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

- 60 (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

GTRHPLSLSH KPAKKIDVAR VTFDLYKLNQ QDFIGCLNVK ATFYDTYSLS YDLHCCGAKR 60
IMKEAFRWAL FSMQATGHVL LGTSCYLQQL LDATEEGQPP KGKASSLIPT CLKILQ 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

(A) LÄNGE: 167 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

FIANSLISHA SMLANSLTNV LGWGPEGREH HESTACEAGL LRGRHLHANGG TDFRTSLDGL 60
SCLGQEGAGS GQELEVLLWP THPRFPAPPP HSGSCAVREV WGGSRLYSCQ ACGHYQLSVR 120
PPVSPSLGKA SKDLGFHCSI FRQVGIRDEA LPLGGCPSSV ASRSCCR 167

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

5 NRGGVGFVG WSLPFELLIF MSRLQNSRVG LTMWGGGGSS LFFYFQVHSW GWWGGRRIPL 60
PKPLVCAELA L 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

10

(A) LÄNGE: 55 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

YRHEPLYPAF PYKIQRENFY TFIPQIKQVL SSYRALARSI CKRNLKFSCR IKLDK 55

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

40

(A) LÄNGE: 411 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

60

LATHSPQKSH QCAHCEKTFN RKDHLKNHLQ THDPNKMAFG CEECGKKYNT MLGYKRHLAL 60
HAASSGDLTC GVCALGLST EVLLDHLKAH AEEKPPSGTK EKKHQCDHCE RCFYTRKDVR 120
RHLVVHTGCK DFLCQFCAQR FGRKDHLTRH TKKTHSQELM KESLQTGDLL STFHTISPSF 180
QLKAAALPPF PLGASAQNGL ASSLP AEVHS LTLSPPEQAA QPMQPLPESL ASLHPSVSPG 240
SPPPLPNHK YNTTSTSYSP LASLPLKADT KGFCNISLFE DLPLQEPQSP QKLNPGFDLA 300
65 KGNAGKVNLP KELPADAVNL TIPASLDLSP LLGFQWLPPP ATQNTFGNST LALGPGESLP 360
HRLSCLGQQQ QEPPLAMGTV SLGQLPLPPI PHVFSAGTGS AILPHFHAF R 411

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

(A) LÄNGE: 314 Aminosäuren

5

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

25

KRCQRKQPLR GIGILKQAIK KMOMNTNQLT SIHADLCQLC LLAKCFKPAL PYLDVDMMDI 60
 CKENGAYDAK HFLCYYYGG MIYTGKLNFE RALYFYEQAI TTPAMAVSHI MLESYKKYIL 120
 VSLILLGKVQ QLPKYTSQIV GRFIKPLSNA YHELAQVYST NNPSELRLNV NKHSETFTRD 180
 NNMGLVKQCL SSLYKKNIQR LTKTFLTLSL QDMASRVQLS GPQEAKEYVL HMIEDGEIFA 240
 SINQKDGMSV FHDNPEKYNN PAMLNIDQE MLKCIELDER LKAMDQEITV NPQFVQKSMG 300
 SQEDDSGNKP SSYS 314

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

35

(A) LÄNGE: 58 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

VLQEKIKIKK EKKEKIKFKN CFENVQIKSN ILIIHLHVLL NILIMWMFTL CMILAEYH 58

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

(A) LÄNGE: 201 Aminosäuren

65

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

20

MDLSLLWVLL PLVTMAWQY GDYGYPYQY HDYSDDGWVN LNRQGFYSYQC PQGQVIVAVR 60
SIFSKKEGSD RQWNYACMPT PQSLGEPTEC WWEEINRAGM EWYQTCNNNG LVAGFQSRYP 120
ESVLDREWQF YCCRYSKRCP YSCWLTTEYP GHYGEEMDMI SYNDDYYIRG ATTFSAVER 180
DRQWKFIMCR MTEYDCEFAN V 201

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

30

(A) LÄNGE: 247 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

50

MGNGLSEERG NNFNHISPIP PVPHPRSVIQ QAEKHLHTPO KRLMTPWEES NVMQDKDAPS 60
PKPRLSPRET IFGKSEHQNS SPTCQEDEED VRYNIVHSLP PDINDTEPVT MIFMGYQQAQ 120
DSEEDKKFLT GYDGIHAEL VVIDDEEEED EGEAEKPSYH PIAPHSQVYQ PAKPTPLPRK 180
RSEASPHENT NHKSPHKNSI SLKEQEESLG SPVHHSPFDA QTTGDGTEDP SLTALRMRMA 240
KLGKKVI 247

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

60

(A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	5
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	10
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94	15
GFHPTFVRLV SNSLTFVIPP RLGLPKVPGI TRHEPITPWS TFF	43
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:	20
(A) LÄNGE: 188 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	25
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	30
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
:	35
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	40
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95	
MPVLREYLMS GGICPVSRDT IDYLLSKNGS GNAIIVVGG AAESLSSMPG KNAVTLNRK 60	45
GFVKLALRHG ADLVPIYSFG ENEVYKQVIF EEGSWGRWVQ KKFQKYIGFA PCIFHGRGLF 120	
SSDTWGLVPY SKPITTVVGE PITIPKLEHP TQODIDLYHT MYMEALVKLF DKHKTKFGLP 180	
ETEVELEVN	188
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:	50
(A) LÄNGE: 290 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	55
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	60
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
:	65
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

5 RGAGTQPGPL LKKPYQPRIK ISKTSVDGDP HFVVDFFLSR LTVCFNIDGQ PGDILRLVSD 60
 HRDSGVTVNG ELIGAPAPPN GHKKQRTYLR TITILINKPE RSYLEITPSR VILDGGDRLV 120
 LPCNQSVVVG SWGLEVSUSA NANVTVTIQG SIAFVILHL YKKPAPFQRH HLGFIYANSE 180
 GLSSNCHGLL GQFLNQDARL TEDPAGPSQN LTHPLLLQVG EGPEAVLTVK GHQVPVWVKQ 240
 RKIYNGEEQI DCWFARNNA KLIDGEYKDY LASHPFDGTM TLGQGMSREL 290

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

15

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

NQFTSCILFC DGGHWRELLF QSIMSSHWTL KILLVPLFYI SLEFPDGFVL CLANDLGYHF 60
 SSRVRS 66

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

45

- (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

65

VPGALPLAVG PPPPPSGFPR NVQPRRPSQS LGRVMSAGPD KRPLGTLCCF VSFL 54

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

FFLYFNQVFY WSGNCKIYKF LKGISCLKAS IALYPRSLIQ TNTQNTKS 59

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

30

- (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

50

MGNKEPGSHG HRSADPDRF SPVLPPAVQL GVVREEGRGG SCFWSWGRGP VSSTWLFPGK 60
SKREGLGEKT MERGPAKENR EEVSGGLISLL SRCSGSLI 98

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

- (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

15

MGKGLGEDGQ QRARESWTSQ RRRPQQVQSR AATSCPAGCL EGRGQRRVMS LQLGEGPSEL 60
HVAFSQREQE GRIGRENNGE GTCEGKQGGG ERFDPQAITV FWLSYLARRL RDRYITS 117

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(A) LÄNGE: 145 Aminosäuren

25

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

45

MNRGPPTFWT FEDRGAKRDR SARGPHPAPL GEPLLTWVSL RLHQLVGLQA SPPDSPHCWA 60
TLNLKFHCPA PPTPTPKFPK EMSKTHAHTY IHTCTCAHTS CVTTGQGNAS LRIPGPGPGV 120
KGCSGTLPPN LLEDPECGGR IGCLP 145

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

(A) LÄNGE: 197 Aminosäuren

55

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

5

MRTHVLCYHW PRKRESQDSR AWTWGKGLLW DSAPQPLGGP RVWGQDWVSA LTHRISPGPK 60
 AEKKSRRSR RQGWTKVGV RLKSGSETRF DTHHPSVPP GQHAPLEPLH RLIRTRQNLL 120
 LTNLLRAVYR GITLVQEGCP SCFHTTTGPT IPLLASLRRP RDPQKPGEKE SWPLVSTAFR 180
 ATGGDAQMTW VKGLSQT 197

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

15

(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

SEARNAPSGT AQTfamGfMT GTISSMYQTK AVIIAMIITA VVSISVTIFC FQTKVDFTSC 60
 TGLFCVLGIV LLVTGIVTSI VLYFQYVYWL HMLYAALGAI CFTLFLAYDT QLVLGNRKHT 120
 ISPEDYITGA LQIYTDIIYI FTFVLQIMGD RN 152

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

45

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

60

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

65

HLLSPPHILG TAFSSTGNGT DGQKTSITFM KGLLELPGKK ACLGELGRCR QCGWAGGQPV 60
VLLPAQ 66

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

- 10 (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

30

PTSLIWPTTM FCSVHVLFKS ILNWLPSEKL NQTLKAWSSH TGPTFPBGNY ERAPAQQGLS 60
RSLPPPLPVP QIWPLLKIR TATGPSEPKP T 91

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

- 40 (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

60

LLPSFFLHFS LSIYFPHPPTF LEQPLVLQEM ALMDRRLALP S 41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

65

- (A) LÄNGE: 471 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

NELKASGGEI KIHKMEQKEN VPPGPEVCIT HQEGEKISAN ENSLAVRSTP AEDDSRDSQV 60
KSEVQOPVHP KPLSPDSRAS SLSESPPKA MKKFQAPARE TCVECQKTVY PMERLLANQQ 120
VFHISCFRCS YCNNKLSLGT YASLHGRIYC KPHFNQLFKS KGNIDEFGFH RPHKDLWASK 180
NENEEILERP AQLANARETP HSPGVEDAPI AKGGVLAASM EAKASSQQEK EDKPAETKKL 240
RIAWPPPTTEL GSSGSALEEG IKMSKPKWPP EDEISKPEVP EDVOLDLKKL RRSSSLKERS 300
RPFTVAASFQ STSVKSPKTV SPPIRKGWSM SEQSEESVGG RVAERKQVEN AKASKKNGNV 360
GKTTWQNKES KGETGKRSKE GHSLE MENEN LVENGADSDE DDNSFLKQOS PQEPKSLNWS 420
SFVDNTFAEE FTTQNKQSQD VELWEGEVVK ELSVEEQIKR NRYDEDEDE E 471

20

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 109 :

30

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

SLLLPGGIFT LFAWYSPHSS SEQALDYKGM AHKRLMDGGY LALANSPSIP NSLSLFEEKC 60

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

(A) LÄNGE: 39 Aminosäuren

60

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

WATPNHYCFL KVFSPSSPGT ALTALQSKHW TTRAWLTKG

39

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:111:

20

(A) LÄNGE: 38 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

RYFHPLRLVQ PSQLFRASGT LQGHGSQKVN GWGLPSPG

38

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:112 :

50

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

RKMLRAALPA LPIPRCKYTL FLIAHMGPPY LLALVLMKLS WPWERCLPGR HSCLVQAKPL 60

CNASPFWCYE VPLCRRFHQQ LVTVPSTRTC FEIS

94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

5

(A) LÄNGE: 324 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

GLSTFQNWLP STPATSWGGL TSSRTTDNGG EQTALSPQEA PFSGISTPPD VLSVGPEPAW 60
 EAAATTKGLA TDVATFTQGA APGREDTGLL TTTHGPPEAP RLAMLQNELE GLGDIFHPMN 120
 AEEQAQLAAS QPGPKVLSAE QGSYFVRLGD LGPSFRQRAF EHAVSHLQHG QFQARDTLAQ 180
 LQDCFRLLIEK AQQAPEGQPR LDQGSGASAE DAAVQEERDA GVLSRVCGLL RQLHTAYSGL 240
 VSSIQGLPAE LQQPVGRARH SLCELYGIVA SAGSVEELPA ERLVQSREGV HQAWQGLEQL 300
 LEGLQHNPLP SWLVGPFALP AGGQ 324

30

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

40

(A) LÄNGE: 148 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

60

IAMTPPNATE ASKPOGTTVC PPCDNEKSE AIIEHLCASE FALRMKIKEV KKENGDKKIV 60
 PKKKKPLKLG PIKKKDLKKL VLYLKNADC PCHQLDNLSH HFLIMGRKVK SQYLLTAIHK 120
 WDKKNKEFKN FMKKMKNHEC PTFQSVFK 148

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

5 (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

PVIYSVLIRS EIRYKISRPV TTDFIKSESL ILACLYLISE RMSTL

45

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

30 (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

50

PDCESEMYFN LDSVFLRVLS MKLADSRQDS FFHHGWLISP

40

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:117:

60 (A) LÄNGE: 27 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
:		5
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117		
TNEHTLTSYL QLPFSFNRIV KASCILI	27	10
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:		
		15
(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren		
(B) TYP: Protein		
(C) STRANG: einzel		
(D) TOPOLOGIE: linear		20
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		
		25
(iii) HYPOTHETISCH: ja		
(vi) HERKUNFT:		30
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
:		
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118		35
PGGCEGENVL LATVKPQEGA RIAQGPMGER RL	32	
		40
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:		
(A) LÄNGE: 135 Aminosäuren		
(B) TYP: Protein		45
(C) STRANG: einzel		
(D) TOPOLOGIE: linear		
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF		50
(iii) HYPOTHETISCH: ja		
		55
(vi) HERKUNFT:		
(A) ORGANISMUS: MENSCH		
:		60
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119		
RSNAVQLTRM EYAMKSLSL YPKSLSRHVS VRTSVVTQQL LSEPSPKAPR ARPCRVSTAD 60		65
RSVRKGIMAY SLEDLLKVR DTLMLADKPF FLVLEEDGTT VETEEYFQAL AGDTVFMVLQ 120		
KGQKWQPPSE QGTRH		135

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:120:

- 5 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

25 GGECSEFGHCE ASGRGSDCSR THGREEALTG LPACEVSGLE VQRSPADKDG IRHEVP 56

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:121:

- (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
35 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121

55 PSLPQVPLQA CVSAYLCGDP AAVGAQPQG PQGPALPRKH GGSKRÆEGHH GLQS 54

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:122:

- 60 (A) LÄNGE: 193 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
65 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

15

EACARTLSCP ALARLGRARR RPWMSHRTSS TFRAERSFHS SSSSSAATS SSASRALPAQ 60
DPPMEKALSM FSDDFGSFMR PHSEPLAFPA RPGGAGNIKT LGDAYEFAVD VRDFSPEDII 120
VTTSNNHIEV RAEKLAADGT VMNTFAHKCQ LPEDVDPTSV TSALREDGSL TIRARRHPHT 180
EHVQQTFRTE IKI 193

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

25

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

45

MPHLYIDGVF PIQLVRDKLH ETPAVLRLLG PPGKATGWG WGWSFSLPQA CVLGAAPMQT 60
GSPNRDGSQG MDGALGPRGW TPASCHLPLR AVSSPSIPLE NL 102

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

(A) LÄNGE: 38 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

5 MATFYPLFPN GGGTYPEVVN DFPLKLLYFT NLNYFVLM 38

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

- 10 (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

MWLFHDAGIR SAGGLSLLSC GSWPLPSGYH RLQDTNGQOK NVTLLILSSS SIGTKLPSRP 60
 REILC 65

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

- 40 (A) LÄNGE: 250 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
 55 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

60 ETRVKTSLLE LRTQLEPTGT VGNTIMTSQP VPNETIIVLP SNVINFSQAE KPEPTNQGQD 60
 SLKKHLHAEI KVIQTIQILC GMMVLSLGII LASASFSPNF TQVTSTLLNS AYPFIGPFFF 120
 IISGSLSIAT EKRLTKLLVH SSLVGSILSA LSALVGFIIL SVKQATLNPA SLQCELDKNN 180
 IPTRSYVSYF YHDSLYTTDC YTAKASLAGT LSLMLICTLL EFCLAVLTAV LRWKQAYSDF 240
 65 PGVSVLAGFT 250

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

25

NQFTSCILFC DGGHWRELLF QSIMSSHWTL KILLVPLFYI SLEFPGFVL CLANDLGYHF 60
SSRVRS 66

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

MHTCQIYIYS TNVTFLEFFVL DVRACSYVRY LHKLLHYFFL CNTFLFVYVV QIYSFLKLLK 60
K 61

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

- (A) LÄNGE: 211 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

PASNRPKSGR APEPREPARR SAGGSPPPPP WPRVPAAAAG TEGASPD LAP LRPAAPGQTP 60
15 LRKEVLKSKM GKSEKIALPH GQLVHGIHLY EQPKINRQKS KYNLPLTKIT SAKRNENFW 120
QDSVSSDRIQ KQEKKPFKNT ENIKNSHLKK SAFLTEVSQK ENYAGAKFSD PPSPSVLPKP 180
PSHWMGSTVE NSNQRELMA VHLKTLLKVQ T 211

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

(A) LÄNGE: 36 Aminosäuren
25 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

45 MQTVTICIRT TDDISYMPGS SSIPANTSYL KVFFLL 36

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

50

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
55 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
65 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

MILTNPLKSK TDTFINRSIC KQSQYALGRL TIFLTCQGVL PSQQTPLI

48

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren

10

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

30

LGIFLHQYVI FNQNVKFLN SLPAIVIVPS WPTWFPDVVN NINASAVGPL LRCLRRNFVL 60
AISINEVFYL QFGRRKVT 78

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

MDMAKTKFLR RHLSKGPTAD ALMLFTTSGN QVGHDTITM AGNEFNKNFT FWLKITYWCK 60
KIPNQIKSYC FD 72

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

65

5 (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

25 MCSLPYRFQN LYFHLFQCGT LCPEKSQECI EGMAIRITIL LLFHLVIQIR EEKINHIAQF 60
Q 61

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:135:

(A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
35 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

55 LNVFSSLQIS ELIFPPLPMW HPLPRKKPGM YRGNQHONHY PPPVPFGYPN QGRKNKPYP 60
IPVTWVPPPG MHCDRNHWIN PHMLAPH 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

60 (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
65 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	5
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136	10
MHSRRRYPCH WNWAIWFIFS SLIWITKWNRRRIVILMAIP SIHSWLFSGQ RVPHWKRWKY 60	
KF 62	15
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:	
(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren	20
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	25
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	30
(vi) HERKUNFT:	35
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137	40
MYGNILCPTL HTPCTQILYC MNYALSRIQC QGELGEINYF NFFFILYKAM DFIWLMCALY 60	
TSHFNRMELL IIFQRVIDMQ Kfq 83	45
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:138:	
(A) LÄNGE: 366 Aminosäuren	50
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	55
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	60
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	65
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138	

DE 198 13 835 A 1

RPKPGHPLYS KYMRGDVLVM LKQTENNYLE CQKGEDTGRV HLSQMKIITP LDEHLRSRPN 60
 DPSHAQKPVD SGAPHAVVLH DFPAEQVDDL NLTSGEIVYL LEKIDTDWYR GNCRNQIGIF 120
 PANYVKVIID IPEGGNGKRE CVSSHCVKGS RCVARFEYIG EQKDELSFSE GEIILKEYV 180
 NEEWARGEVR GRTGIFPLNF VE?VEDYPTS GANVLSTKVP LKTKKEDSGS NSQVNSLP AE 240
 WCEALHSFTA ETSDDLSEFKR GDRIQILERL DSDWCRGRLQ DREGIFPAVF VRPCPAEAKS 300
 MLAIVPKGRK AKALYDFRGE NEDELSFKAG DIITELESVD DDWMSGELMG KSGIFPKNYI 360
 QFLQIS 366

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

15

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

35

MNPYISIIIVF IVFLCSENYW WNNMLRITGS SPYLHFLSVL GVLVNSYVLI LFNSEFLTQH 60
 FRERIQAG 68

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:140:

45

- (A) LÄNGE: 28 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

FFFFFFLLLK FFFNKDKGFN NFCATILN

28

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

(A) LÄNGE: 22 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	5
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	10
(iii) HYPOTHETISCH: ja	
(vi) HERKUNFT:	15
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 141	20
EGTTRKKDKY ILSLENASRQ KY	22
	25
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:142:	
(A) LÄNGE: 46 Aminosäuren	30
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	35
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	40
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	45
:	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 142	
MPFLRKFDRL VRTSDHQISL KWVSWNFIFD NIYTIPNSFA VLRFVG	46
	50
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:	55
(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	60
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	65

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143

10 MEGWGMSSIN PYGMHSQWPS HLGLEPLVQG LGENRPHGNS HTVIAFNTEP RVPKQQ 56

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:144:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144

MNISTQGRAK GVPRILLAKG QVLIEGLELS RFMEAACLTG ACPDSSLGFP FYLSSF 56

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145

65

MPKGKAFRRT LRITSLFFSS LLLLQLLFQH HLLVLVSPQL PGAVFEGEAF SVPPPQALPM 60
MAPSHHPSPA PLPASPPPPA PPPPWRRRGI PLAFGLPRSR RLPQLPQPR 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

- (A) LÄNGE: 247 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146

25

RPAPAPRCQL PQRPAEARCM LSRCSRLLH VLGLSFLLQT RRPILLCSPP LMKPLVVFVL 60
GGPGAGKGTQ CARIVEKYGY THLSAGELLR DERKNPDSQY GELIEKYIKE GKIVPVEITI 120
SLKREMDQT MAANAQKNKF LIDGFPRNQD NLQGWNTMD GKADVSFVLF FDCNNEICIE 180
RCLERGKSSG RSDDNRESLE KRIQTYLQST KPIIDLYEEM GKVKKIDASK SVDEVFDEVV 240
QIFDKEG 247

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

35

- (A) LÄNGE: 181 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147

55

IPNMAAPLGG MFSGQPPGPP QAPPGLPGQA SLLQAAPGAP RPSSSTLVDE LESSFEACFA 60
SLVSQDYVNG TDQEEIRTGV DQCIQKFLDI ARQTECFLLQ KRLQLSVQKP EQVIKEDVSE 120
LRNELQRKDA LVQKHLTKLR HWQOVLEDIN VQHKKPADIP QGSLAYLEQA SANIPAPLKP 180
T 181

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

65

- (A) LÄNGE: 236 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 148

MLRDLQLQIL RNVTHHVSVT KQLPTSEAVV SAVSEAGASG ITEAQARAIV NSALKLYSQD 60
KTGMVDFALE SGGGSILSTR CSETYETKTA LMSLFGIPLW YFSQSPRVVI QPDIYPGNCW 120
AFKGSQGYLV VRLSMMIHPA AFTLEHIPKT LSPTGNISSA PKDFAVYGLE NEYQEEGQLL 180
GQFTYDQDGE SLQMFQALKR PDDTAFQIVE LRIFSNWGHF EYTCLYRFRV HGEPVK 236

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

(A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 149

MEWSPSASLF NPHIWSTRVD LWLTTYTMLK SSATATTSCQ KVSLANKQLK FKGRSKS 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

: 5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 150

MHLALTSYSI LPVTVVKRS KINKTFLTNS CTIFSEVLVP DEKSGLRQAS YF 52 10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

(A) LÄNGE: 377 Aminosäuren 15

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear 20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja 25

(vi) HERKUNFT: 30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

: 30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 151 35

LRRFPAQSSP APRRAPEQRP PAGPASAWSS SYPHAPYLGS ARSLSPHKMA DGGSPFLGRR 60
DFVYPSSTRD PSASNGGGSP ARREEKKRKA ARLKFDFQAQ SPKELTLQKG DIVYIHKEVD 120
KNWLEGEHHG RLGIFPANYV EVLPADEIPK PIKPPTYQVL EYGEAVAQYT FKGDLEVELS 180
FRKGEHICLI RKNENWYEG RITGTGRQGI FPASYVQVSR EPRLRLCDDG PQLPTSPRLT 240
AAARSARDPS APSALRSPAD PTDLGGQTSP RRTGFSFPTQ EPRPQTQNLG TPGPALSHSR 300
GPSHPLDLGT SSPNTSQIHW TPYRAMYQYR PQNEDELELR EGDRVDVMQQ CDDGWFGVVS 360
RRTQKFGTFP GNYVAPV 377

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:

(A) LÄNGE: 39 Aminosäuren 50

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear 55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja 60

(vi) HERKUNFT: 65

(A) ORGANISMUS: MENSCH

: 65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 152

5 WDPTLSPVGV LGPGSILGCG PGKGSPGAK

39

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

- 10 (A) LÄNGE: 58 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 153

MQEAMVKTHF HPTSRRLAY HTLLPIPSEP LFAAPGEHLH QCFVKESYCP PRVLAKEQ 58

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
40 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 154

60 GGEPGLRGSG TRPCLQWASW APALFWAAGL GRARRVPNEL S

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

- 65 (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 155

MMLGSLAPDP GSRRHSGQAA LRPRRYPTLW DRCKRWLRP IFTQLLAHV LTRSSPPFV 60
SRFLQHQANT YTSAL 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 156

GASRACAVVG PDPVSSGRLG PRLYSGLRAW EGLAGQMSC PNSAGLQLPA 50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 157

10 GTPGPYPGPL SPPPEAPPLE SAEPLGPAAD LWADVDLTEF DQYLNCSTRTR PDAPGLPYHV 60
ALAKLGPRAM SCPEESSLIS ALSDASSAVY YSACISG 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

15

(A) LÄNGE: 173 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 158

40 GLFPAVCPWP ALDLLSGPQW QRGPGPGAGV GDPGLSAVAF WWGAMETGNQ AVGSQRWSLR 60
GEWRAFCFCL VPPHGTWFPG ENERRGEVEN RTFHKGYFLI GCKMLMPRMM IFFPADETIR 120
KGLRLWQVGF GAGAETFLSM RTSYSSSWG G AACGMAGEDA LENRPPSVEG PFP 173

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

45

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

60

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 159

65

GHLRSVFSSP WLCGVSSGLW ACREVAVRQS ALWPCLCPAR GRGLWTSRPS GWGSRSVQAG 60
SSTCPRQPS PLSAGAAGP AGAFPATLFL HVLPSQPRPS TGKTSRLTP 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren 5
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear 10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja 15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH 20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 160 25

NIRGNQHLKN RLHERRAARR GSAPPTTPTA EDTERPGAPS WFPLVPNETE RLKELPGMVT 60
 AEKKSSEWLH AAAACVHLPS TQDSPRQQLV FTCPPPRTPV GLAPGCRGSA EGASCPISLA 120
 NSLLLLGPHK RHGRMFLIRQ EHRTPNPSLC LA 152 30

Patentansprüche 35

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No 1-5, 10-12, 14, 15, 19-21, 23-25, 38, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50-52, 58-65, 68, 69 und 71-76.
 - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder
 - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist. 40
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos 1-5, 10-12, 14, 15, 19-21, 23-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50-52, 58-65, 68, 69 und 71-76, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Brustnormalgewebe erhöht exprimiert sind. 45
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 76, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist. 50
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
8. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist. 55
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp aufweist.
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert. 60
11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt. 65
14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Ge-

nen.

15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.

16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.

5 17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.

18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

10 19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.

20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.

21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.

15 22. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. 67-70, 71, 73-81, 84-89, 93-109, 111-114, 116-137, 139-149, 153-164, 166-172, 181-182, 188-193 und 196-216.

23. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

25. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 65 bis Seq. ID No. 216, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs.

20 26. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können.

27. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 67 in sense oder antisense Form.

28. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 68 bis Seq. ID No. 216 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Brustkrebses.

25 29. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 65 bis Seq. ID No. 216, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.

30. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 65 bis Seq. ID No. 216.

31. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.

30 32. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.

33. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76.

34. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.

35 35. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/oder Enhancer ist.

36. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

40 37. Nukleinsäuresequenzen Seq. ID No.: 3, 37, 45 dadurch gekennzeichnet, daß sie mit dem Fettstoffwechsel assoziiert sind und zur Behandlung von krankhaften Veränderungen des Fettstoffwechsels verwendet werden können.

Hierzu 10 Seite(n) Zeichnungen

45

50

55

60

65

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

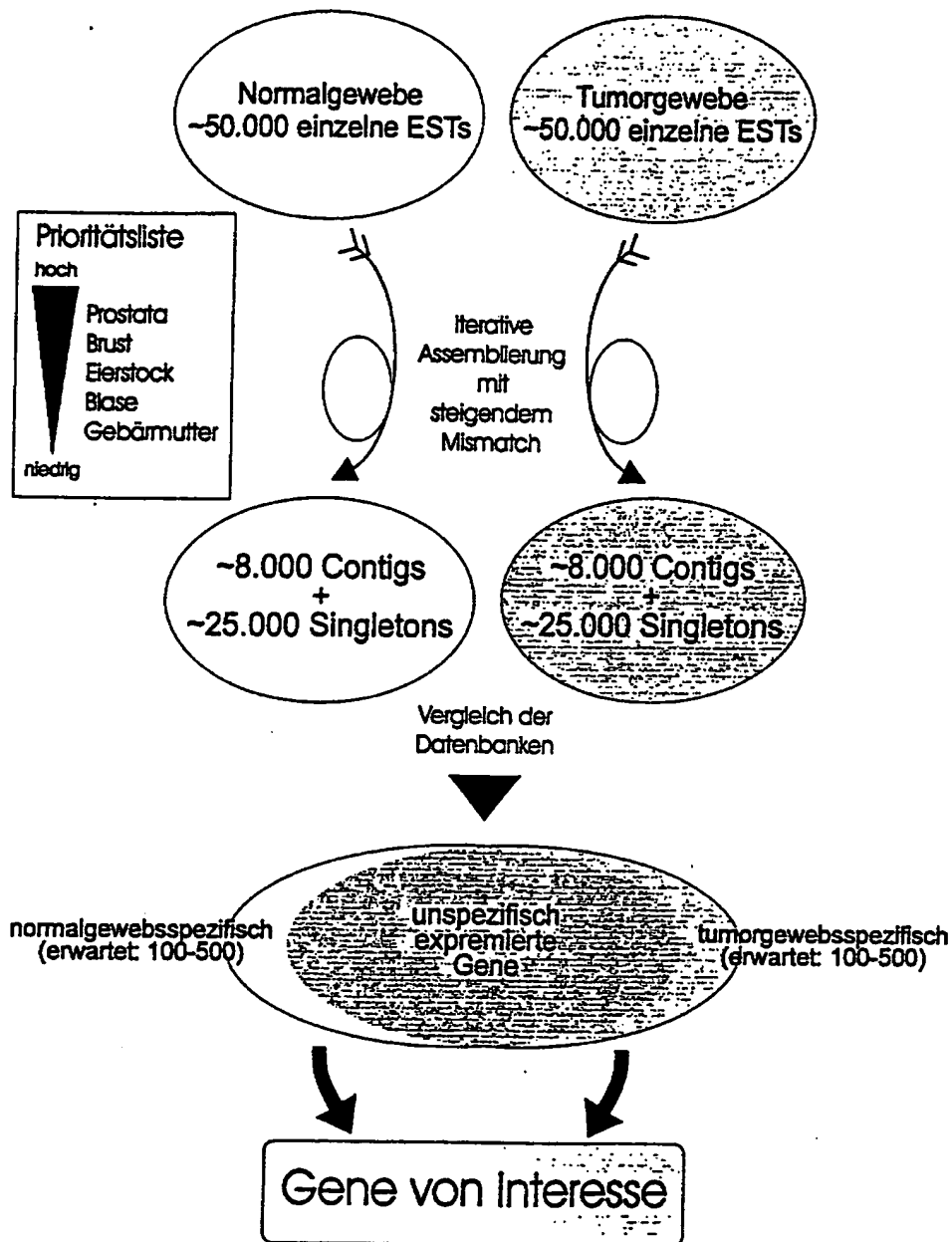


Fig. 1

Prinzip der EST-Assemblierung

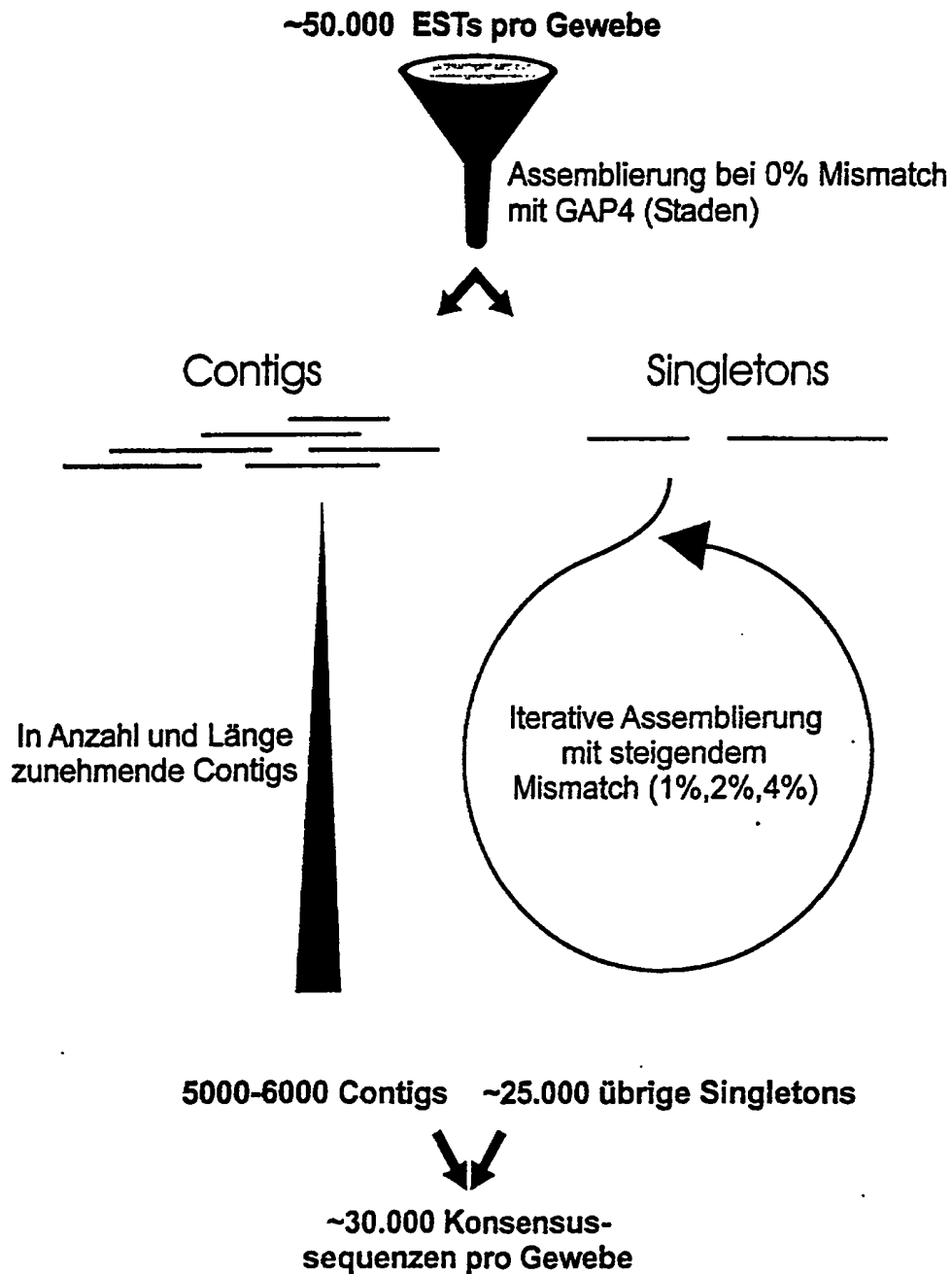


Fig. 2a

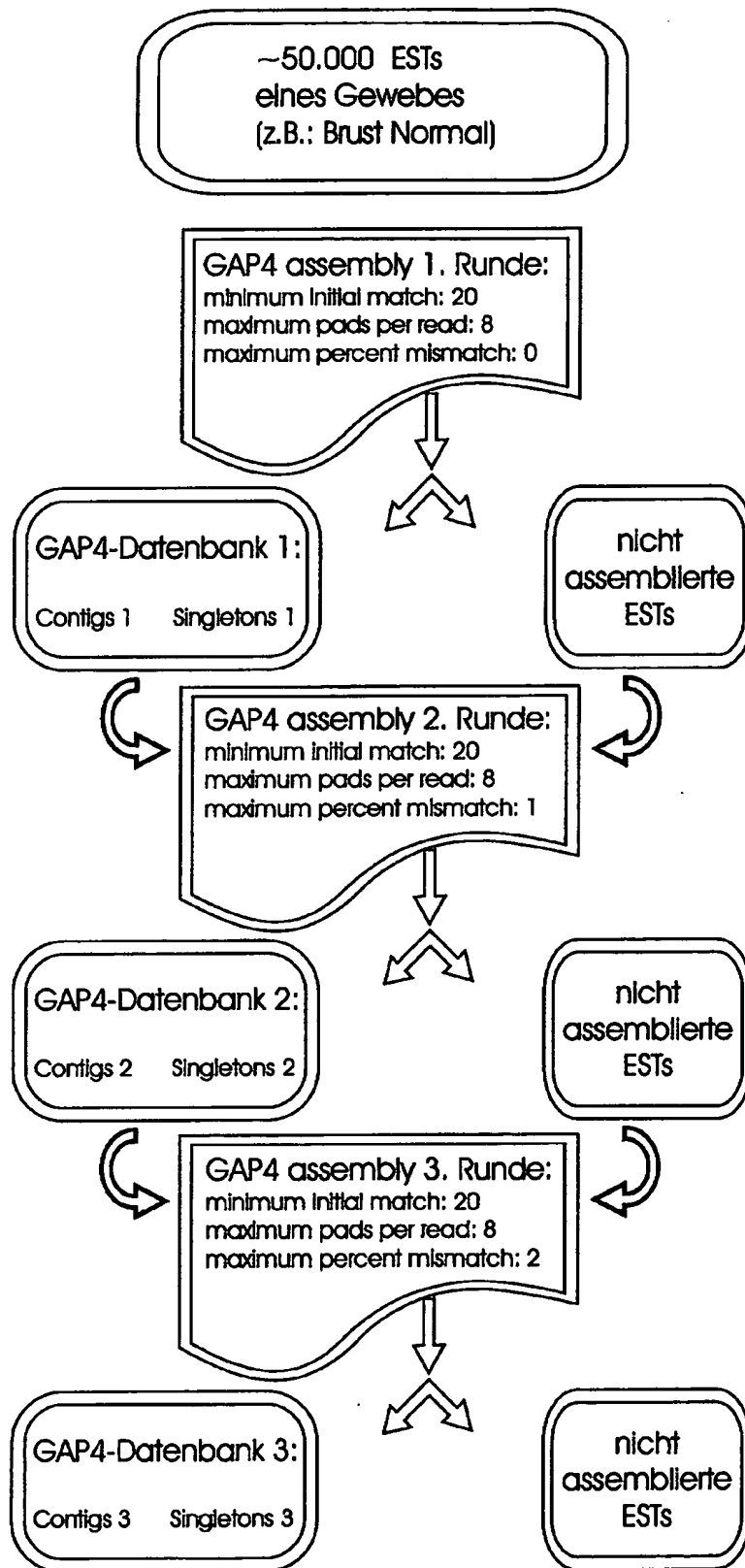


Fig. 2b1

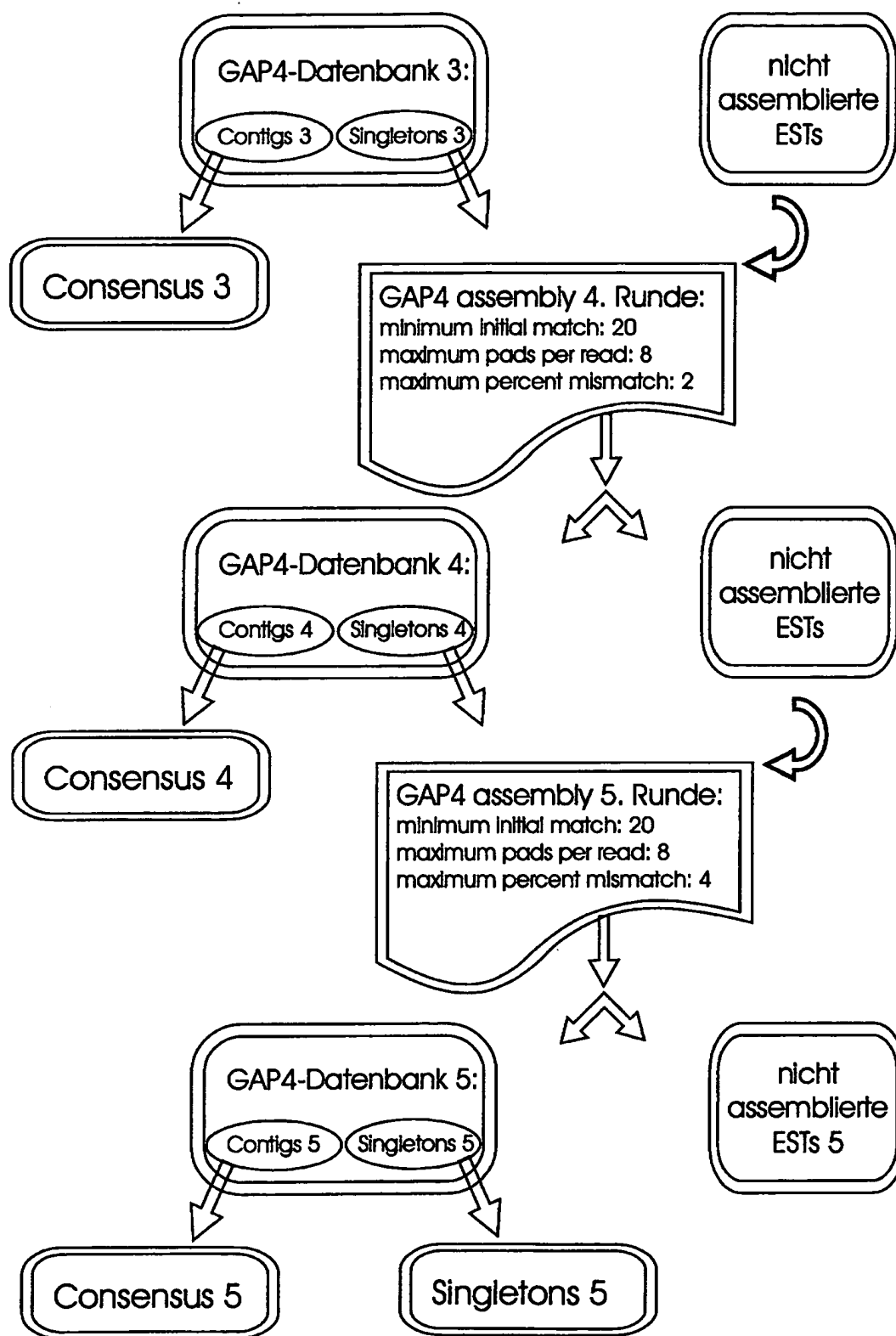


Fig. 2b2

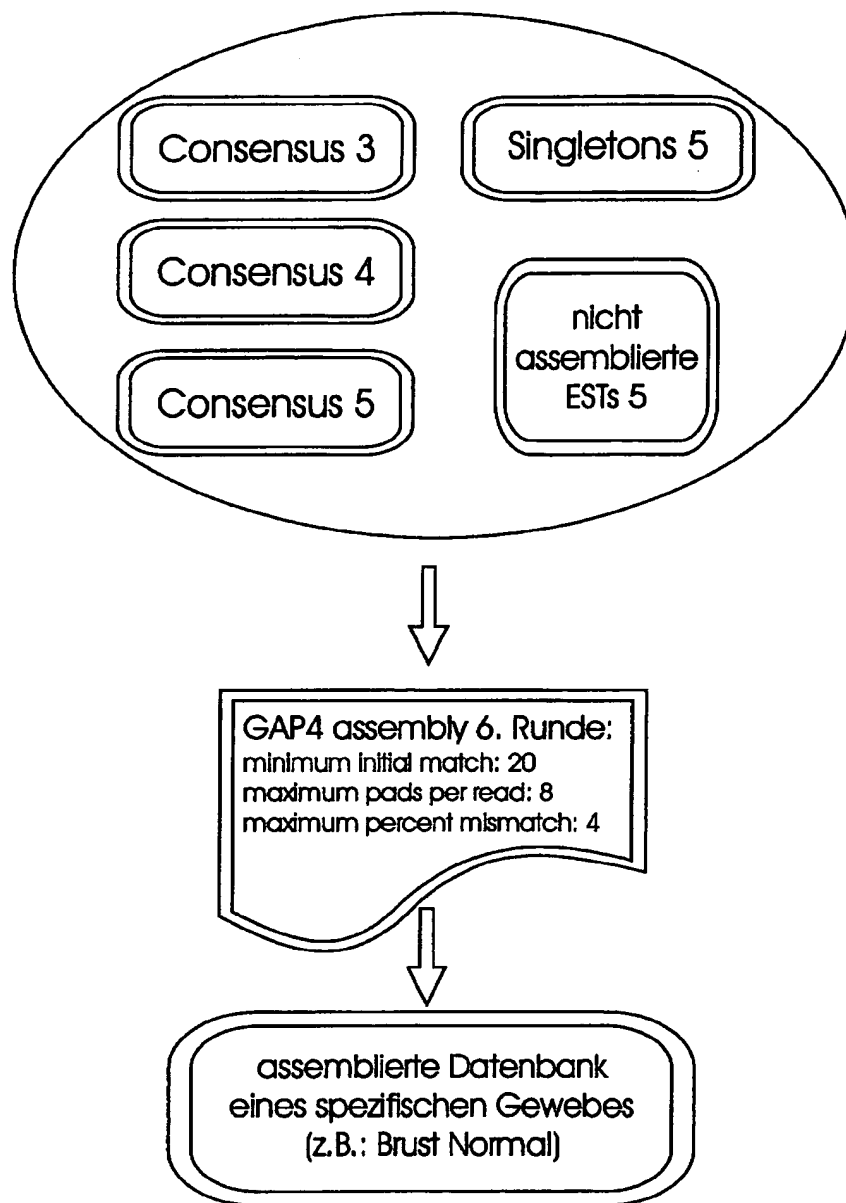


Fig. 2b3

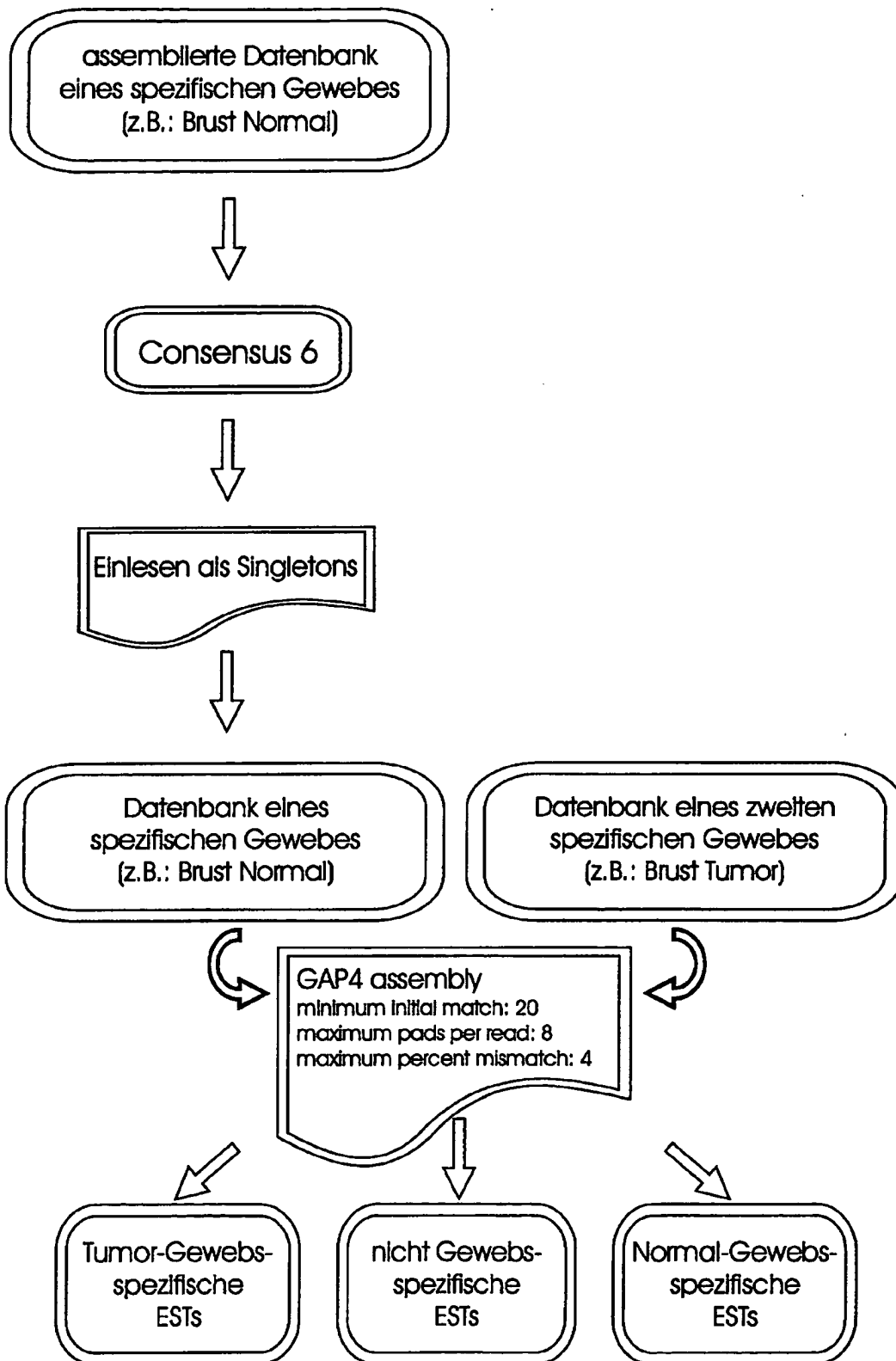


Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

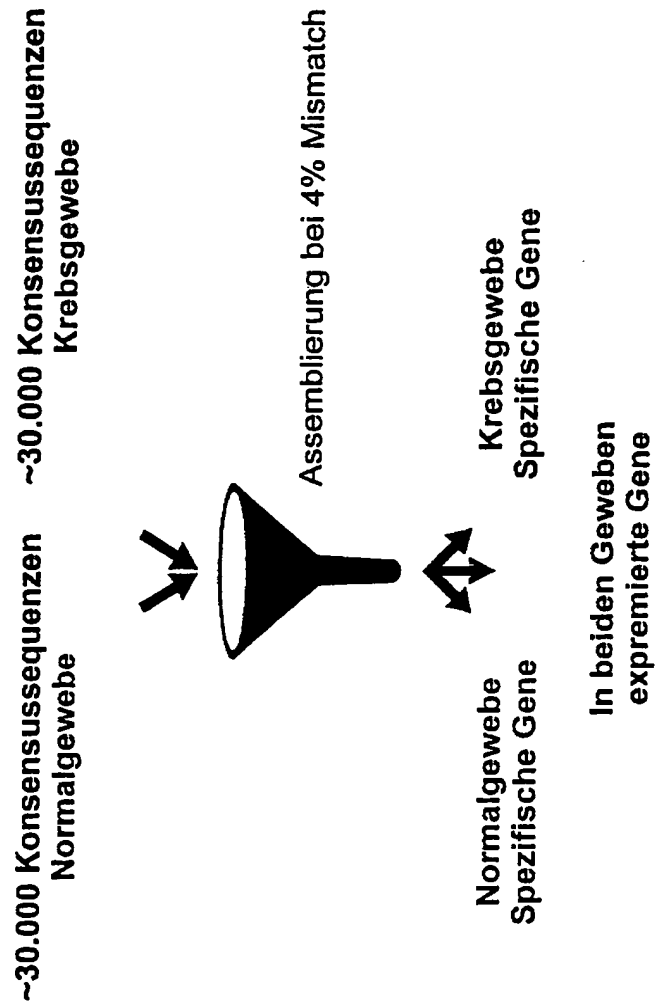


Fig. 3

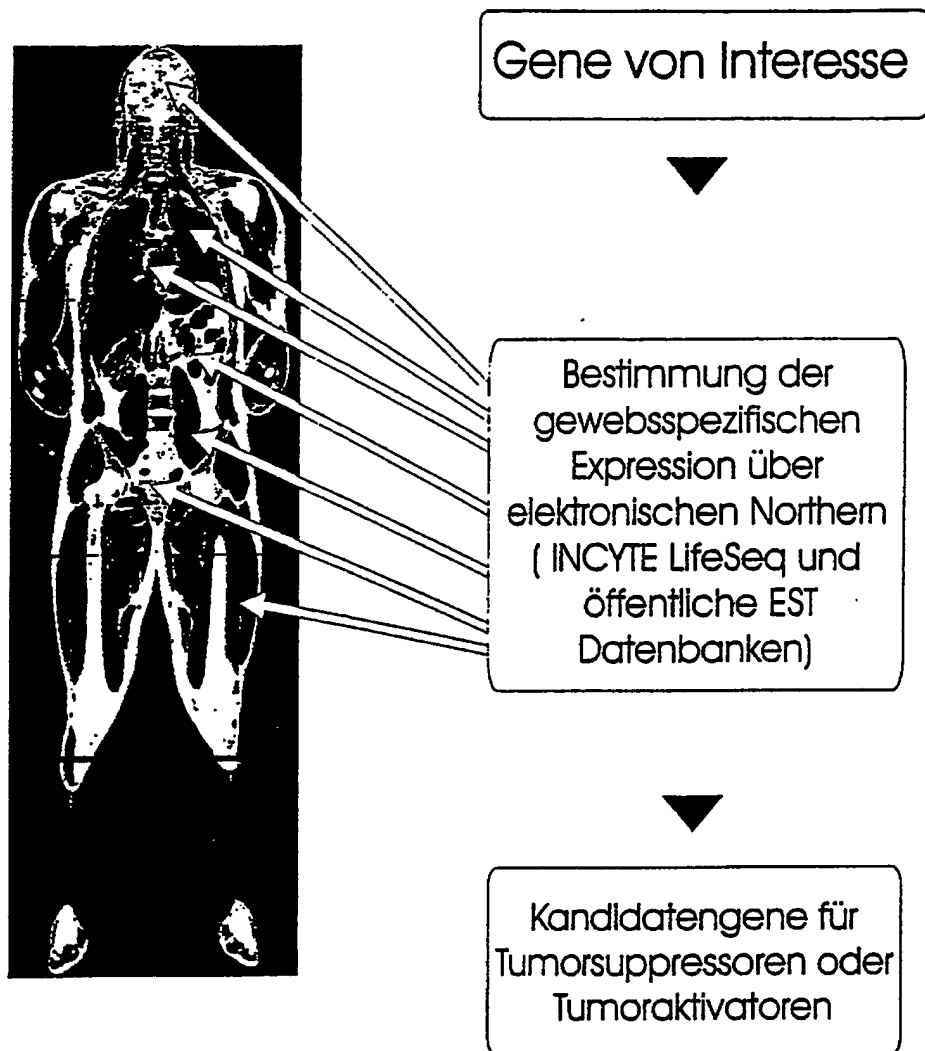


Fig. 4a

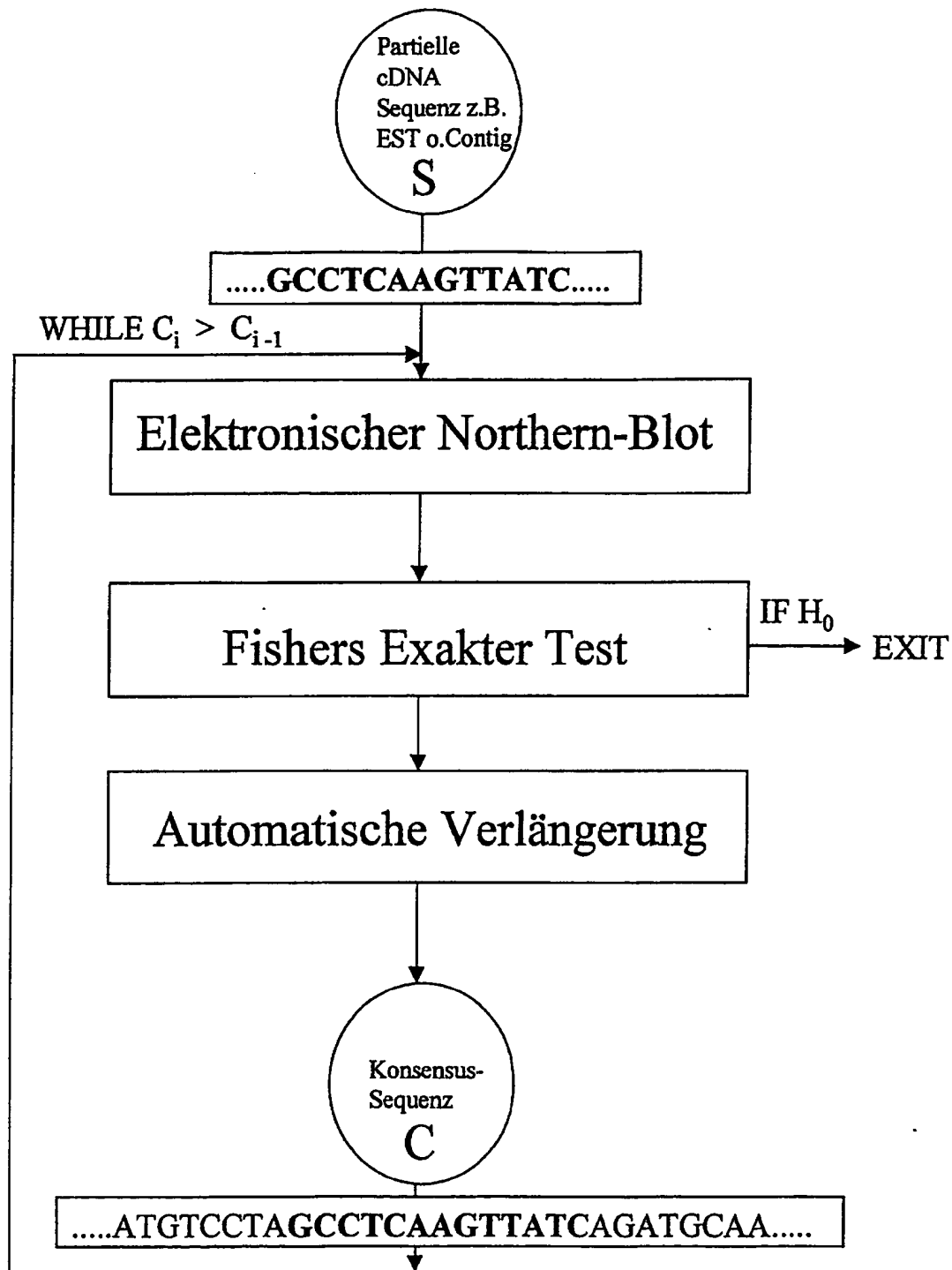
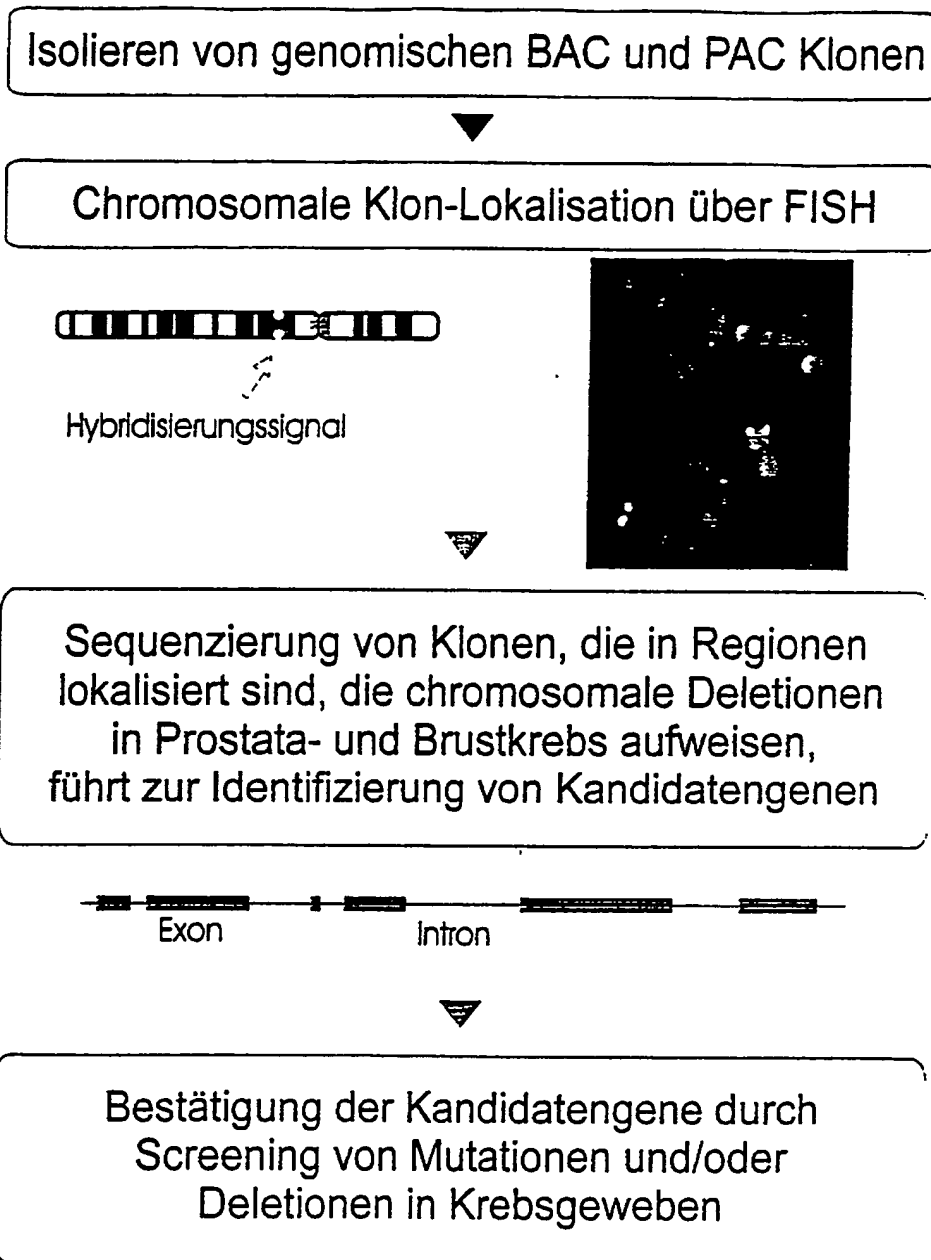


Fig. 4b



BEST AVAILABLE COPY

Fig. 5